

**PCT**  
 WELTORGANISATION FÜR GEISTIGES EIGENTUM  
 Internationales Büro  
 INTERNATIONALE ANMELDUNG VERÖFFENTLICHT NACH DEM VERTRAG ÜBER DIE  
 INTERNATIONALE ZUSAMMENARBEIT AUF DEM GEBIET DES PATENTWESENS (PCT)



<p>(51) Internationale Patentklassifikation <sup>6</sup> :  <b>C12N 15/12, C07K 14/47, 16/18, A61K 38/17</b></p>	<b>A2</b>	<p>(11) Internationale Veröffentlichungsnummer: <b>WO 99/47669</b></p> <p>(43) Internationales Veröffentlichungsdatum: 23. September 1999 (23.09.99)</p>
<p>(21) Internationales Aktenzeichen: <b>PCT/DE99/00908</b></p> <p>(22) Internationales Anmeldedatum: 19. März 1999 (19.03.99)</p> <p>(30) Prioritätsdaten:          198 13 839.3      20. März 1998 (20.03.98)      DE</p> <p>(71) Anmelder (für alle Bestimmungsstaaten ausser US): META-GEN GESELLSCHAFT FÜR GENOMFORSCHUNG MBH [DE/DE]; Ihnestrasse 63, D-14195 Berlin (DE).</p> <p>(72) Erfinder; und</p> <p>(75) Erfinder/Anmelder (nur für US): SPECHT, Thomas [DE/DE]; Grabenstrasse 14, D-12209 Berlin (DE). HINZMANN, Bernd [DE/DE]; Parkstrasse 19, D-13127 Berlin (DE). SCHMITT, Armin [DE/DE]; Laubacher Strasse 6/II, D-14197 Berlin (DE). PILARSKY, Christian [DE/DE]; Heinrich-Lange-Strasse 13c, D-01474 Schönfeld-Weißig (DE). DAHL, Edgar [DE/DE]; Elconore-Procheska-Strasse 6, D-14480 Potsdam (DE). ROSENTHAL, André [DE/DE]; Koppenplatz 10, D-10115 Berlin (DE).</p>		
<p>(81) Bestimmungsstaaten: JP, US, europäisches Patent (AT, BE, CH, CY, DE, DK, ES, FI, FR, GB, GR, IE, IT, LU, MC, NL, PT, SE).</p> <p><b>Veröffentlicht</b>  <i>Ohne internationalen Recherchenbericht und erneut zu veröffentlichen nach Erhalt des Berichts.</i></p>		

(54) Title: HUMAN NUCLEIC ACID SEQUENCES FROM TISSUE OF BREAST TUMORS

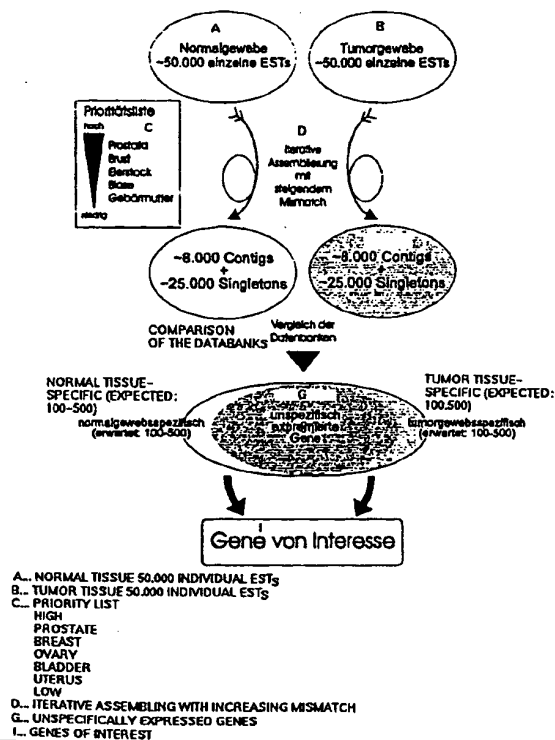
(54) Bezeichnung: MENSCHLICHE NUKLEINSÄURESEQUENZEN AUS BRUSTTUMORGEWEBE

(57) Abstract

The invention relates to human nucleic acid sequences, mRNA, cDNA, genomic sequences, from tissue of breast tumors which code for gene products or parts thereof, and to the use of said nucleic acid sequences. The invention also relates to the polypeptides obtained from the sequences and to the use thereof.

(57) Zusammenfassung

Es werden menschliche Nukleinsäuresequenzen - mRNA, cDNA, genomische Sequenzen - aus Brusttumorgewebe, die für Genprodukte oder Teile davon kodieren und deren Verwendung beschrieben. Es werden weiterhin die über die Sequenzen erhältlichen Polypeptide und deren Verwendung beschrieben.



R.

# **LEDIGLICH ZUR INFORMATION**

Codes zur Identifizierung von PCT-Vertragsstaaten auf den Kopfbögen der Schriften, die internationale Anmeldungen gemäss dem PCT veröffentlichen.

AL	Albanien	ES	Spanien	LS	Lesotho	SI	Slowenien
AM	Armenien	FI	Finnland	LT	Litauen	SK	Slowakei
AT	Österreich	FR	Frankreich	LU	Luxemburg	SN	Senegal
AU	Australien	GA	Gabun	LV	Lettland	SZ	Swasiland
AZ	Aserbaidschan	GB	Vereinigtes Königreich	MC	Monaco	TD	Tschad
BA	Bosnien-Herzegowina	GE	Georgien	MD	Republik Moldau	TG	Togo
BB	Barbados	GH	Ghana	MG	Madagaskar	TJ	Tadschikistan
BE	Belgien	GN	Guinea	MK	Die ehemalige jugoslawische Republik Mazedonien	TM	Turkmenistan
BF	Burkina Faso	GR	Griechenland	ML	Mali	TR	Türkei
BG	Bulgarien	HU	Ungarn	MN	Mongolei	TT	Trinidad und Tobago
BJ	Benin	IE	Irland	MR	Mauretanien	UA	Ukraine
BR	Brasilien	IL	Israel	MW	Malawi	UG	Uganda
BY	Belarus	IS	Island	MX	Mexiko	US	Vereinigte Staaten von Amerika
CA	Kanada	IT	Italien	NE	Niger	UZ	Usbekistan
CF	Zentralafrikanische Republik	JP	Japan	NL	Niederlande	VN	Vietnam
CG	Kongo	KE	Kenia	NO	Norwegen	YU	Jugoslawien
CH	Schweiz	KG	Kirgisistan	NZ	Neuseeland	ZW	Zimbabwe
CI	Côte d'Ivoire	KP	Demokratische Volksrepublik Korea	PL	Polen		
CM	Kamerun	KR	Republik Korea	PT	Portugal		
CN	China	KZ	Kasachstan	RO	Rumänien		
CU	Kuba	LC	St. Lucia	RU	Russische Föderation		
CZ	Tschechische Republik	LI	Liechtenstein	SD	Sudan		
DE	Deutschland	LK	Sri Lanka	SE	Schweden		
DK	Dänemark	LR	Liberia	SG	Singapur		
EE	Estland						

### Menschliche Nukleinsäuresequenzen aus Brusttumorgewebe

- Die Erfindung betrifft menschliche Nukleinsäuresequenzen aus Brusttumorgewebe, die für Genprodukte oder Teile davon kodieren, deren funktionale Gene, die mindestens ein biologisch aktives Polypeptid kodieren und deren Verwendung.  
Die Erfindung betrifft weiterhin die über die Sequenzen erhältlichen Polypeptide und deren Verwendung.
- 10 Eine der Haupttodesursachen bei Frauen ist der Brustkrebs, für dessen Bekämpfung neue Therapien notwendig sind. Bisher verwendete Therapien, wie z.B. Chemotherapie, Hormontherapie oder chirurgische Entfernung des Tumorgewebes, führen häufig nicht zu einer vollständigen Heilung.
- 15 Das Phänomen Krebs geht häufig einher mit der Über- oder Unterexpression gewisser Gene in den entarteten Zellen, wobei noch unklar ist, ob diese veränderten Expressionsraten Ursache oder Folge der malignen Transformation sind. Die Identifikation solcher Gene wäre ein wesentlicher Schritt für die Entwicklung neuer Therapien gegen Krebs. Der spontanen Entstehung von Krebs geht häufig eine Vielzahl
- 20 von Mutationen voraus. Diese können verschiedenste Auswirkungen auf das Expressionsmuster in dem betroffenen Gewebe haben, wie z.B. Unter- oder Überexpression, aber auch Expression verkürzter Gene. Mehrere solcher Veränderungen durch solche Mutationskaskaden können schließlich zu bösartigen Entartungen führen. Die Komplexität solcher Zusammenhänge erschwert die experimentelle Herangehensweise sehr.
- 25 Für die Suche nach Tumor-bezogenen Kandidatengenen, d.h. Genen, die als Ursache für oder als Folge von bösartigen Entartungen normalen, menschlichen Gewebes angesehen werden können, wird eine Datenbank verwendet, die aus sogenannten ESTs besteht. ESTs (Expressed Sequence Tags) sind Sequenzen von cDNAs, d.h. revers transkribierten mRNAs, den Molekülen also, die die Expression von Genen widerspiegeln. Die EST-Sequenzen werden für normale und entartete Gewebe ermittelt. Solche Datenbanken werden von verschiedenen Betreibern z.T. kommerziell angeboten. Die ESTs der LifeSeq-Datenbank, die hier verwendet wird, sind in der Regel
- 35 zwischen 150 und 350 Nukleotide lang. Sie representieren ein für ein bestimmtes Gen unverkennbares Muster, obwohl dieses Gen normalerweise sehr viel länger ist (> 2000 Nukleotide). Durch Vergleich der Expressionsmuster von normalen und Tumorgewebe können ESTs identifiziert werden, die für die Tumorentstehung und -proliferation wichtig sind. Es besteht jedoch folgendes Problem: Da durch unterschiedliche Konstruktionen
- 40 der cDNA-Bibliotheken die gefundenen EST-Sequenzen zu unterschiedlichen Regionen eines unbekannten Gens gehören können, ergäbe sich in einem solchen Fall ein völlig falsches Verhältnis des Vorkommens dieser ESTs in dem jeweiligen Gewebe. Dieses würde erst bemerkt werden, wenn das vollständige Gen bekannt ist und somit die ESTs dem gleichen Gen zugeordnet werden können.
- 45 Es wurde nun gefunden, daß diese Fehlermöglichkeit verringert werden kann, wenn zuvor sämtliche ESTs aus dem jeweiligen Gewebstyp assembliert werden, bevor die Expressionsmuster miteinander verglichen werden. Es wurden also überlappende ESTs ein und desselben Gens zu längeren Sequenzen zusammengefaßt (s. Fig. 1, Fig. 2a und Fig.3). Durch diese Verlängerung und damit Abdeckung eines wesentlich größeren
- 50 Genbereichs in jeder der jeweiligen Banken sollte der oben beschriebene Fehler weitgehend vermieden werden. Da es hierzu keine bestehenden Softwareprodukte

gab, wurden Programme für das Assemblieren von genomischen Abschnitten verwendet, die abgewandelt eingesetzt und durch eigene Programme ergänzt wurden. Ein Flowchart der Assemblierungsprozedur ist in Fig. 2b1 – 2b4 dargestellt.

- 5 Es konnten nun die Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No 2-67, 149-161, 201-202 gefunden werden, die als Kandidatengene beim Brusttumor eine Rolle spielen.

Von besonderem Interesse sind die Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No 3, 7, 9, 15, 17, 18, 21, 25, 27, 33, 35, 36, 38, 39, 40, 42, 43, 44, 46, 47, 48, 50, 51, 52, 53, 54, 55,  
10 57, 58, 59, 61, 62, 63, 65, 66, 67, 150-153, 155-159, 160-161.

Die Erfindung betrifft somit Nukleinsäure-Sequenzen, die ein Genprodukt oder ein Teil davon kodieren, umfassend

- 15 a) eine Nukleinsäure-Sequenz, ausgewählt aus der Gruppe der Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No 3, 7, 9, 15, 17, 18, 21, 25, 27, 33, 35, 36, 38, 39, 40, 42, 43, 44, 46, 47, 48, 50, 51, 52, 53, 54, 55, 57, 58, 59, 61, 62, 63, 65, 66, 67, 150-153, 155-159, 160-161
- 20
- b) eine allelische Variation der unter a) genannten Nukleinsäure-Sequenzen
- 25 oder
- c) eine Nukleinsäure-Sequenz, die komplementär zu den unter a) oder b) genannten Nukleinsäure-Sequenzen ist.
- 30

Die Erfindung betrifft weiterhin eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einer der Sequenzen Seq. ID No 3, 7, 9, 15, 17, 18, 21, 25, 27, 33, 35, 36, 38, 39, 40, 42, 43, 44, 46, 47, 48, 50, 51, 52, 53, 54, 55, 57, 58, 59, 61, 62, 63, 65, 66, 67, 150-153, 155-159, 160-161  
35 oder eine komplementäre oder allelische Variante davon und die Nukleinsäure-Sequenzen davon, die eine 90%ige bis 95% ige Homologie zu einer humanen Nukleinsäure-Sequenz aufweisen.

Die Erfindung betrifft auch die Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No. 2 bis Seq. ID No. 67 sowie Seq. ID No. 149 bis Seq. ID. 161 und Seq ID. 201 -202, die im Brusttumorgewebe erhöht exprimiert sind

40

Die Erfindung betrifft ferner Nukleinsäure-Sequenzen, umfassend einen Teil der oben genannten Nukleinsäure-Sequenzen, in solch einer ausreichenden Größe, daß sie mit den Sequenzen Seq. ID No 3, 7, 9, 15, 17, 18, 21, 25, 27, 33, 35, 36, 38, 39, 40, 42, 43, 44, 46, 47, 48, 50, 51, 52, 53, 54, 55, 57, 58, 59, 61, 62, 63, 65, 66, 67, 150-153, 155-159, 160-161 hybridisieren.

45

Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen weisen im allgemeinen eine Länge von mindestens 50 bis 4500 bp, vorzugsweise eine Länge von mindestens 150 bis 4000 bp, insbesondere eine Länge von 450 bis 3500 bp auf.

50



- 5 Mit den erfindungsgemäßen Teilsequenzen Seq. ID No 3, 7, 9, 15, 17, 18, 21, 25, 27, 33, 35, 36, 38, 39, 40, 42, 43, 44, 46, 47, 48, 50, 51, 52, 53, 54, 55, 57, 58, 59, 61, 62, 63, 65, 66, 67, 150-153, 155-159, 160-161 können gemäß gängiger Verfahrenspraxis auch Expressionskassetten konstruiert werden, wobei auf der Kassette mindestens eine der erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen zusammen mit mindestens einer dem Fachmann allgemein bekannten Kontroll- oder regulatorischen Sequenz, wie z. B. einem geeigneten Promotor, kombiniert wird. Die erfindungsgemäßen Sequenzen können in sense oder antisense Orientierung eingefügt sein.
- 10 In der Literatur sind ist eine große Anzahl von Expressionskassetten bzw. Vektoren und Promotoren bekannt, die verwendet werden können.
- 15 Unter Expressionskassetten bzw. Vektoren sind zu verstehen: 1. bakterielle, wie z. B., phagescript, pBs,  $\phi$ X174, pBluescript SK, pBs KS, pNH8a, pNH16a, pNH18a, pNH46a (Stratagene), pTrc99A, pKK223-3, pKK233-3, pDR540, pRIT5 (Pharmacia), 2. eukaryontische, wie z. B. pWLneo, pSV2cat, pOG44, pXT1, pSG (Stratagene), pSVK3, pBPV, pMSG, pSVL (Pharmacia).
- 20 Unter Kontroll- oder regulatorischer Sequenz sind geeignete Promotoren zu verstehen. Hierbei sind zwei bevorzugte Vektoren der pKK232-8 und der PCM7 Vektor. Im einzelnen sind folgende Promotoren gemeint: lacI, lacZ, T3, T7, gpt, lambda P<sub>R</sub>, trc, CMV, HSV Thymidin-Kinase, SV40, LTRs aus Retrovirus und Maus Metallothionein-I.
- 25 Die auf der Expressionskassette befindlichen DNA-Sequenzen können ein Fusionsprotein kodieren, das ein bekanntes Protein und ein biologisch aktives Polypeptid-Fragment umfaßt.
- 30 Die Expressionskassetten sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung.
- Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Fragmente können zur Herstellung von Vollängen-Genen verwendet werden. Die erhältlichen Gene sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung.
- 35 Die Erfindung betrifft auch die Verwendung der erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen, sowie die aus der Verwendung erhältlichen Gen-Fragmente.
- 40 Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen können mit geeigneten Vektoren in Wirtszellen gebracht werden, in denen als heterologer Teil die auf den Nukleinsäure-Fragmenten enthaltene genetischen Information befindet, die exprimiert wird.
- Die die Nukleinsäure-Fragmente enthaltenden Wirtszellen sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung.
- 45 Geeignete Wirtszellen sind z. B. prokaryontische Zellsysteme wie E. coli oder eukaryontische Zellsysteme wie tierische oder humane Zellen oder Hefen.
- Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen können in sense oder antisense Form verwendet werden.
- 50

Die Herstellung der Polypeptide oder deren Fragment erfolgt durch Kultivierung der Wirtszellen gemäß gängiger Kultivierungsmethoden und anschließender Isolierung und Aufreinigung der Peptide bzw. Fragmente, ebenfalls mittels gängiger Verfahren.

5 Die Erfindung betrifft ferner Nukleinsäure-Sequenzen, die mindestens eine Teilsequenz eines biologisch aktiven Polypeptids kodieren.

10 Ferner betrifft die vorliegende Erfindung Polypeptid-Teilsequenzen, sogenannte ORF (open-reading-frame)-Peptide, gemäß den Sequenzprotokollen Seq. ID No 71-79, 81-117, 119-121, 123, 126, 128-147, 162-168, 172, 174, 177-180, 183-185, 187, 190, 192-198.

15 Die Erfindung betrifft ferner die Polypeptid-Sequenzen, die mindestens eine 80%ige Homologie, insbesondere eine 90%ige Homologie zu den erfindungsgemäßen Polypeptid-Teilsequenzen der Seq. ID No 71-79, 81-117, 119-121, 123, 126, 128-147, 162-168, 172, 174, 177-180, 183-185, 187, 190, 192-198.

20 Die Erfindung betrifft auch Antikörper, die gegen ein Polypeptid oder Fragment davon gerichtete sind, welche von den erfindungsgemäßen Nukleinsäuren der Sequenzen Seq. ID No 71-79, 81-117, 119-121, 123, 126, 128-147, 162-168, 172, 174, 177-180, 183-185, 187, 190, 192-198 kodiert werden.

Unter Antikörper sind insbesondere monoklonale Antikörper zu verstehen.

25 Die erfindungsgemäßen Polypeptide der Sequenzen Seq. ID No 71-79, 81-117, 119-121, 123, 126, 128-147, 162-168, 172, 174, 177-180, 183-185, 187, 190, 192-198 können auch als Tool zum Auffinden von Wirkstoffen gegen Brustkrebs verwendet werden, was ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung ist.

30 Ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung ist die Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Sequenzen Seq. ID No 3, 7, 9, 15, 17, 18, 21, 25, 27, 33, 35, 36, 38, 39, 40, 42, 43, 44, 46, 47, 48, 50, 51, 52, 53, 54, 55, 57, 58, 59, 61, 62, 63, 65, 66, 67, 150-153, 155-159, 160-161 zur Expression von Polypeptiden, die als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen Brustkrebs verwendet werden können.

35 Die Erfindung betrifft auch die Verwendung der gefundenen Polypeptid-Teilsequenzen Seq. ID No 71-79, 81-117, 119-121, 123, 126, 128-147, 162-168, 172, 174, 177-180, 183-185, 187, 190, 192-198 zur Herstellung eines Arzneimittels zur Behandlung des Brustkrebses.

40 Die Erfindung betrifft auch Arzneimittel, die mindestens eine Polypeptid-Teilsequenz Seq. ID No 71-79, 81-117, 119-121, 123, 126, 128-147, 162-168, 172, 174, 177-180, 183-185, 187, 190, 192-198 enthalten.

45 Die gefundenen erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen können auch genomische oder mRNA-Sequenzen sein.

50 Die Erfindung betrifft auch genomische Gene, ihre Exon- und Intronstruktur und deren Spleißvarianten, erhältlich aus den cDNAs der Sequenzen Seq. ID No 3, 7, 9, 15, 17, 18, 21, 25, 27, 33, 35, 36, 38, 39, 40, 42, 43, 44, 46, 47, 48, 50, 51, 52, 53, 54, 55, 57, 58, 59, 61, 62, 63, 65, 66, 67, 150-153, 155-159, 160-161, sowie deren Verwendung

zusammen mit geeigneten regulativen Elementen, wie geeigneten Promotoren und/oder Enhancern.

- 5 Mit den erfindungsgemäßen Nukleinsäuren (cDNA-Sequenzen) werden genomische BAC-, PAC- und Cosmid-Bibliotheken gescreent und über komplementäre Basenpaarung (Hybridisierung) spezifisch humane Klone isoliert. Die so isolierten BAC-, PAC- und Cosmid-Klone werden mit Hilfe der Fluoreszenz-in-situ-Hybridisation auf Metaphasenchromosomen hybridisiert und entsprechende Chromosomenabschnitte identifiziert, auf denen die entsprechenden genomischen Gene liegen. BAC-, PAC- und
- 10 Cosmid-Klone werden sequenziert, um die entsprechenden genomischen Gene in ihrer vollständigen Struktur (Promotoren, Enhancer, Silencer, Exons und Introns) aufzuklären. BAC-, PAC- und Cosmid-Klone können als eigenständige Moleküle für den Gentransfer eingesetzt werden (s. Fig. 5).
- 15 Die Erfindung betrifft auch BAC-, PAC- und Cosmid-Klone, enthaltend funktionelle Gene und ihre chromosomale Lokalisation, entsprechend den Sequenzen Seq. ID No 3, 7, 9, 15, 17, 18, 21, 25, 27, 33, 35, 36, 38, 39, 40, 42, 43, 44, 46, 47, 48, 50, 51, 52, 53, 54, 55, 57, 58, 59, 61, 62, 63, 65, 66, 67, 150-153, 155-159, 160-161 zur Verwendung als Vehikel zum Gentransfer.

### Bedeutungen von Fachbegriffen und Abkürzungen

5	Nukleinsäuren=	Unter Nukleinsäuren sind in der vorliegenden Erfindung zu verstehen: mRNA, partielle cDNA, vollständige cDNA und genomische Gene (Chromosomen).
	ORF =	Open Reading Frame, eine definierte Abfolge von Aminosäuren, die von der cDNA-Sequenz abgeleitet werden kann.
	Contig=	Eine Menge von DNA-Sequenzen, die aufgrund sehr großer Ähnlichkeiten zu einer Sequenz zusammengefaßt werden können (Consensus).
10	Singleton=	Ein Contig, der nur eine Sequenz enthält.
	Modul =	Domäne eines Proteins mit einer definierten Sequenz, die eine strukturelle Einheit darstellt und in unterschiedlichen Proteinen vorkommt
15	N =	wahlweise das Nukleotid A, T, G oder C
20	X =	wahlweise eine der 20 natürlich vorkommenden Aminosäuren

### Erklärung zu den Alignmentparametern

25	minimal initial match=	minimaler anfänglicher Identitätsbereich
	maximum pads per read=	maximale Anzahl von Insertionen
	maximum percent mismatch=	maximale Abweichung in %

30

### Erklärung der Abbildungen

35	Fig. 1	zeigt die systematische Gen-Suche in der Incyte LifeSeq Datenbank.
	Fig. 2a	zeigt das Prinzip der EST-Assemblierung
	Fig. 2b1-2b4	zeigt das gesamte Prinzip der EST-Assemblierung
40	Fig. 3	zeigt die in silico Subtraktion der Genexpression in verschiedenen Geweben
	Fig. 4a	zeigt die Bestimmung der gewebsspezifischen Expression über elektronischen Northern.
45	Fig. 4b	zeigt den elektronischen Northern
	Fig. 5	zeigt die Isolierung von genomischen BAC- und PAC-Klonen.
50		

Die nachfolgenden Beispiele erläutern die Herstellung der erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen, ohne die Erfindung auf diese Beispiele und Nukleinsäure-Sequenzen zu beschränken.

5

### Beispiel 1

#### Suche nach Tumor-bezogenen Kandidatengen

10

Zuerst wurden sämtliche ESTs des entsprechenden Gewebes aus der LifeSeq-Datenbank (vom Oktober 1997) extrahiert. Diese wurden dann mittels des Programms GAP4 des Staden-Pakets mit den Parametern 0% mismatch, 8 pads per read und einem minimalen match von 20 assembliert. Die nicht in die GAP4-Datenbank aufgenommenen Sequenzen (Fails) wurden erst bei 1% mismatch und dann nochmals bei 2% mismatch mit der Datenbank assembliert. Aus den Contigs der Datenbank, die aus mehr als einer Sequenz bestanden, wurden Consensussequenzen errechnet. Die Singletons der Datenbank, die nur aus einer Sequenz bestanden, wurden mit den nicht in die GAP4-Datenbank aufgenommenen Sequenzen bei 2% mismatch erneut assembliert. Wiederum wurden für die Contigs die Consensussequenzen ermittelt. Alle übrigen ESTs wurden bei 4% mismatch erneut assembliert. Die Consensussequenzen wurden abermals extrahiert und mit den vorherigen Consensussequenzen sowie den Singletons und den nicht in die Datenbank aufgenommenen Sequenzen abschließend bei 4% mismatch assembliert. Die Consensussequenzen wurden gebildet und mit den Singletons und Fails als Ausgangsbasis für die Gewebsvergleiche verwendet. Durch diese Prozedur konnte sichergestellt werden, daß unter den verwendeten Parametern sämtliche Sequenzen von einander unabhängige Genbereiche darstellten.

25

30

Fig. 2b1-2b4 veranschaulicht die Verlängerung der Brusttumorgewebe ESTs.

35

Die so assemblierten Sequenzen der jeweiligen Gewebe wurden anschließend mittels des gleichen Programms miteinander verglichen (Fig. 3). Hierzu wurden erst alle Sequenzen des ersten Gewebes in die Datenbank eingegeben. (Daher war es wichtig, daß diese voneinander unabhängig waren.)

40

Dann wurden alle Sequenzen des zweiten Gewebes mit allen des ersten verglichen. Das Ergebnis waren Sequenzen, die für das erste bzw. das zweite Gewebe spezifisch waren, sowie welche, die in beiden vorkamen. Bei Letzteren wurde das Verhältnis der Häufigkeit des Vorkommens in den jeweiligen Geweben ausgewertet. Sämtliche, die Auswertung der assemblierten Sequenzen betreffenden Programme, wurden selbst entwickelt.

45

Alle Sequenzen, die mehr als viermal in jeweils einem der verglichenen Gewebe vorkamen, sowie alle, die mindestens fünfmal so häufig in einem der beiden Gewebe vorkamen wurden weiter untersucht. Diese Sequenzen wurden einem elektronischen Northern (s. Beispiel 2.1) unterzogen, wodurch die Verteilung in sämtlichen Tumor- und Normal-Geweben untersucht wurde (s. Fig. 4a und Fig. 4b). Die relevanten Kandidaten wurden dann mit Hilfe sämtlicher Incyte ESTs und allen ESTs öffentlicher Datenbanken verlängert (s. Beispiel 3). Anschließend wurden die Sequenzen und ihre Übersetzung in mögliche Proteine mit allen Nukleotid- und Proteindatenbanken verglichen, sowie auf mögliche, für Proteine kodierende Regionen untersucht.

50

## Beispiel 2

### Algorithmus zur Identifikation und Verlängerung von partiellen cDNA-Sequenzen mit verändertem Expressionsmuster

5

Im folgenden soll ein Algorithmus zur Auffindung über- oder unterexprimierter Gene erläutert werden. Die einzelnen Schritte sind der besseren Übersicht halber auch in einem Flußdiagramm zusammengefaßt (s. Fig. 4b).

10

#### 2.1 Elektronischer Northern-Blot

Zu einer partiellen DNA-Sequenz S, z. B. einem einzelnen EST oder einem Contig von ESTs, werden mittels eines Standardprogramms zur Homologiesuche, z. B. BLAST (Altschul, S. F., Gish W., Miller, W., Myers, E. W. und Lipman, D. J. (1990) *J. Mol. Biol.*, 215, 403-410), BLAST2 (Altschul, S. F., Madden, T. L., Schäffer, A. A., Zhang, J., Zhang, Z., Miller, W. und Lipman, D. J. (1997) *Nucleic Acids Research* 25 3389-3402) oder FASTA (Pearson, W. R. und Lipman, D. J. (1988) *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* 85 2444-2448), die homologen Sequenzen in verschiedenen nach Geweben geordneten (privaten oder öffentlichen) EST-Bibliotheken bestimmt. Die dadurch ermittelten (relativen oder absoluten) Gewebe-spezifischen Vorkommenshäufigkeiten dieser Partial-Sequenz S werden als elektronischer Northern-Blot bezeichnet.

##### 2.1.1

Analog der unter 2.1 beschriebenen Verfahrensweise wurde die Sequenz Seq. ID No. 2 gefunden, die 9x stärker im Brusttumorgewebe als im normalen Gewebe vorkommt.

Die mögliche Funktion dieses Genbereiches betrifft ein 17-kDa-Interferon-induzierbares Gen..

Das Ergebnis ist wie folgt:

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 2

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0102	0.0000	undef
	Brust	0.0053	0.0458	0.1165	8.5843
	Eierstock	0.0030	0.0338	0.0899	11.1243
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0039	0.0143	0.2714	3.6843
	Gehirn	0.0085	0.0099	0.8601	1.1626
	Haematopoetisch	0.0028	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0074	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef
	Lunge	0.0037	0.0024	1.5801	0.6329
	Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0077	1.2599	0.7937
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0120	0.2855	3.5025
20	Niere	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0038	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0030	0.1066	0.0281	35.6161
	Prostata	0.0048	0.0043	1.1186	0.8939
	Uterus	0.0083	0.0000	undef	0.0000
25	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Duennndarm	0.0093			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0035			
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
35	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0031			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0039			
40	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
45					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
50	Eierstock-Uterus	0.0228			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0082			
	Gastrointestinal	0.0244			
	Haematopoetisch	0.0057			
55	Haut-Muskel	0.0032			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0010			
	Prostata	0.0128			
60	Sinnesorgane	0.0000			

## 2.1.2.

65 Analog der unter 2.1 beschriebenen Verfahrensweise wurde die Sequenz Seq. ID No. 5 gefunden, die 30x stärker im Brusttumorgewebe als im normalen Gewebe vorkommt.

Die mögliche Funktion dieses Genbereiches betrifft „macrophage migration inhibition factor related protein 14(MRP-14)“.

Das Ergebnis ist wie folgt:

5

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 5

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
10	Blase	0.0093	0.1508	0.0616	16.2223
	Brust	0.0013	0.0392	0.0340	29.4320
	Eierstock	0.0152	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0018	0.0027	0.6698	1.4930
15	Gastrointestinal	0.0174	0.0048	3.6642	0.2729
	Gehirn	0.0051	0.0055	0.9289	1.0765
	Haematopoetisch	0.0993	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0249	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0129	0.0000	undef
20	Herz	0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0261	0.0307	0.8508	1.1753
	Magen-Speiserohre	0.1062	0.0230	4.6197	0.2165
	Muskel-Skelett	0.0171	0.0180	0.9517	1.0508
25	Niere	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Pankreas	0.0114	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.1258	0.1600	0.7862	1.2720
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus	0.0826	0.0000	undef	0.0000
30	Brust-Hyperplasie	0.0036			
	Duennndarm	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0178			
	Sinnesorgane	0.0000			
35	Weisse_Blutkoerperchen	0.1018			
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
40	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0062			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
45	Lunge	0.0037			
	Niere	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock-Uterus	0.0000			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0052			
	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0000			
60	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0410			
	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0449			
	Sinnesorgane	0.0000			
65					



## 2.1.3.

Analog der unter 2.1 beschriebenen Verfahrensweise wurde die Sequenz Seq. ID No. 16 gefunden, die 30x stärker im Brusttumorgewebe als im normalen Gewebe vorkommt.

5

Die mögliche Funktion dieses Genbereiches betrifft menschliches Tim23, welches im Proteintranslokase-Komplex der inneren mitochondrialen Membran lokalisiert ist. Das Ergebnis ist wie folgt:

10 Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 16

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
15	Blase 0.0046	0.0051	0.9092	1.0998
	Brust 0.0013	0.0153	0.0874	11.4458
	Eierstock 0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe 0.0091	0.0082	1.1163	0.8958
	Gastrointestinal 0.0116	0.0095	1.2214	0.8187
20	Gehirn 0.0076	0.0055	1.3934	0.7177
	Haematopoetisch 0.0084	0.0000	undef	0.0000
	Haut 0.0199	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch 0.0198	0.0065	3.0606	0.3267
	Herz 0.0106	0.0000	undef	0.0000
	Hoden 0.0183	0.0000	undef	0.0000
25	Lunge 0.0100	0.0024	4.2137	0.2373
	Magen-Speiserohre 0.0193	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett 0.0034	0.0060	0.5710	1.7513
	Niere 0.0030	0.0000	undef	0.0000
30	Pankreas 0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis 0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata 0.0048	0.0085	0.5593	1.7879
	Uterus 0.0017	0.0071	0.2321	4.3088
	Brust-Hyperplasie 0.0073			
	Duenndarm 0.0031			
35	Prostata-Hyperplasie 0.0030			
	Samenblase 0.0089			
	Sinnesorgane 0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0009			
40	FOETUS			
	%Haeufigkeit			
	Entwicklung 0.0154			
	Gastrointestinal 0.0000			
	Gehirn 0.0125			
45	Haematopoetisch 0.0000			
	Herz-Blutgefuesse 0.0041			
	Lunge 0.0111			
	Niere 0.0000			
	Prostata 0.0499			
50	Sinnesorgane 0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
	%Haeufigkeit			
55	Brust 0.0000			
	Eierstock-Uterus 0.0068			
	Endokrines_Gewebe 0.0000			
	Foetal 0.0064			
	Gastrointestinal 0.0244			
60	Haematopoetisch 0.0057			
	Haut-Muskel 0.0065			
	Hoden 0.0156			
	Lunge 0.0164			
	Nerven 0.0030			
	Prostata 0.0000			
65	Sinnesorgane 0.0000			

In analoger Verfahrensweise wurden auch folgende Northern gefunden:

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 3

5		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
	Blase	0.0046	0.0128	0.3637	2.7495
	Brust	0.0067	0.0174	0.3822	2.6162
10	Eierstock	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0018	0.0082	0.2233	4.4791
	Gastrointestinal	0.0039	0.0048	0.8143	1.2281
	Gehirn	0.0339	0.0110	3.0964	0.3230
	Haematopoetisch	0.0112	0.0000	undef	0.0000
15	Haut	0.0149	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Herz	0.0064	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0183	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0137	0.0000	undef	0.0000
20	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0153	0.6300	1.5874
	Muskel-Skelett	0.0086	0.0120	0.7138	1.4010
	Niere	0.0030	0.0342	0.0868	11.5165
	Pankreas	0.0057	0.0110	0.5143	1.9446
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
25	Prostata	0.0024	0.0085	0.2797	3.5758
	Uterus	0.0116	0.0071	1.6246	0.6155
	Brust-Hyperplasie	0.0036			
	Duenn darm	0.0093			
30	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0061			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0092			
	Gehirn	0.0188			
40	Haematopoetisch	0.0079			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Prostata	0.0000			
45	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
50	Brust	0.0204			
	Eierstock-Uterus	0.0091			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0093			
	Gastrointestinal	0.0000			
55	Haematopoetisch	0.0114			
	Haut-Muskel	0.0227			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0291			
60	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
65					

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 4

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5		Blase	0.0093	0.0256		0.3637	2.7495
		Brust	0.0133	0.0283		0.4704	2.1256
		Eierstock	0.0091	0.0104		0.8765	1.1409
		Endokrines_Gewebe	0.0274	0.0490		0.5582	1.7916
10		Gastrointestinal	0.0116	0.0095		1.2214	0.8187
		Gehirn	0.0212	0.0164		1.2902	0.7751
		Haematopoetisch	0.0084	0.0000		undef	0.0000
		Haut	0.0348	0.0000		undef	0.0000
		Hepatisch	0.0149	0.0259		0.5739	1.7426
15		Herz	0.0191	0.0137		1.3873	0.7208
		Hoden	0.0122	0.0000		undef	0.0000
		Lunge	0.0162	0.0165		0.9782	1.0223
		Magen-Speiseroehre	0.0290	0.0153		1.8899	0.5291
		Muskel-Skelett	0.0069	0.0120		0.5710	1.7513
20		Niere	0.0178	0.0068		2.6050	0.3839
		Pankreas	0.0038	0.0221		0.1714	5.8337
		Penis	0.0180	0.0000		undef	0.0000
		Prostata	0.0214	0.0234		0.9152	1.0926
		Uterus	0.0182	0.0214		0.8510	1.1751
25		Brust-Hyperplasie	0.0073				
		Duennndarm	0.0218				
		Prostata-Hyperplasie	0.0357				
		Samenblase	0.0178				
		Sinnesorgane	0.0118				
30		Weisse_Blutkoerperchen	0.0218				
		FOETUS					
		%Haeufigkeit					
35		Entwicklung	0.0000				
		Gastrointestinal	0.0154				
		Gehirn	0.0125				
		Haematopoetisch	0.0000				
40		Herz-Blutgefuesse	0.0123				
		Lunge	0.0111				
		Niere	0.0124				
		Prostata	0.0499				
		Sinnesorgane	0.0000				
45							
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
		%Haeufigkeit					
		Brust	0.0000				
50		Eierstock-Uterus	0.0183				
		Endokrines_Gewebe	0.0000				
		Foetal	0.0076				
		Gastrointestinal	0.0488				
		Haematopoetisch	0.0000				
55		Haut-Muskel	0.0259				
		Hoden	0.0000				
		Lunge	0.0000				
		Nerven	0.0090				
		Prostata	0.0128				
60		Sinnesorgane	0.0000				



## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 7

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5		Blase 0.0186	0.0051	3.6370	0.2750
		Brust 0.0147	0.0261	0.5606	1.7838
		Eierstock 0.0182	0.0234	0.7791	1.2836
		Endokrines_Gewebe 0.0456	0.0245	1.8605	0.5375
10		Gastrointestinal 0.0233	0.0190	1.2214	0.8187
		Gehirn 0.0314	0.0230	1.3639	0.7332
		Haematopoetisch 0.0196	0.0378	0.5175	1.9325
		Haut 0.0199	0.0000	undef	0.0000
		Hepatisch 0.0050	0.0388	0.1275	7.8416
15		Herz 0.0328	0.0275	1.1947	0.8371
		Hoden 0.0183	0.0351	0.5224	1.9144
		Lunge 0.0149	0.0284	0.5267	1.8986
		Magen-Speiseroehre 0.0193	0.0460	0.4200	2.3811
		Muskel-Skelett 0.0223	0.0480	0.4639	2.1554
20		Niere 0.0208	0.0205	1.0130	0.9871
		Pankreas 0.0246	0.0055	4.4569	0.2244
		Penis 0.0449	0.0267	1.6846	0.5936
		Prostata 0.0167	0.0383	0.4350	2.2987
		Uterus 0.0231	0.0214	1.0831	0.9233
25		Brust-Hyperplasie 0.0109			
		Duennndarm 0.0125			
		Prostata-Hyperplasie 0.0357			
		Samenblase 0.0356			
		Sinnesorgane 0.0000			
30		Weisse_Blutkoerperchen 0.0165			
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
35		Entwicklung 0.0307			
		Gastrointestinal 0.0247			
		Gehirn 0.0375			
		Haematopoetisch 0.0118			
		Herz-Blutgefuesse 0.0204			
40		Lunge 0.0296			
		Niere 0.0185			
		Prostata 0.0249			
		Sinnesorgane 0.0279			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
45		Brust 0.0068			
		Eierstock-Uterus 0.0068			
		Endokrines_Gewebe 0.0000			
		Foetal 0.0093			
50		Gastrointestinal 0.0000			
		Haematopoetisch 0.0114			
		Haut-Muskel 0.0097			
		Hoden 0.0078			
		Lunge 0.0082			
55		Nerven 0.0100			
		Prostata 0.0000			
		Sinnesorgane 0.0155			
60					

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 8

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0139		0.0281		0.4959	2.0163
	Brust	0.0080		0.0414		0.1931	5.1778
	Eierstock	0.0122		0.0260		0.4674	2.1393
10	Endokrines_Gewebe	0.0274		0.0354		0.7728	1.2940
	Gastrointestinal	0.0252		0.0333		0.7561	1.3226
	Gehirn	0.0237		0.0175		1.3547	0.7382
	Haematopoetisch	0.0098		0.0000		undef	0.0000
	Haut	0.0149		0.1693		0.0881	11.3508
15	Hepatisch	0.0149		0.0129		1.1477	0.8713
	Herz	0.0381		0.0412		0.9249	1.0812
	Hoden	0.0183		0.0000		undef	0.0000
	Lunge	0.0174		0.0615		0.2836	3.5259
20	Magen-Speiserohre	0.0097		0.0383		0.2520	3.9685
	Muskel-Skelett	0.0171		0.0180		0.9517	1.0508
	Niere	0.0208		0.0548		0.3799	2.6323
	Pankreas	0.0284		0.0000		undef	0.0000
	Penis	0.0180		0.1066		0.1685	5.9360
	Prostata	0.0119		0.0213		0.5593	1.7879
25	Uterus	0.0116		0.0285		0.4061	2.4622
	Brust-Hyperplasie	0.0109					
	Duenn darm	0.0374					
	Prostata-Hyperplasie	0.0386					
	Samenblase	0.0356					
30	Sinnesorgane	0.0000					
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0113					
		FOETUS					
35		%Haeufigkeit					
	Entwicklung	0.0307					
	Gastrointestinal	0.0216					
	Gehirn	0.0188					
	Haematopoetisch	0.0079					
40	Herz-Blutgefuesse	0.0245					
	Lunge	0.0259					
	Niere	0.0062					
	Prostata	0.0748					
45	Sinnesorgane	0.0000					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
		%Haeufigkeit					
50	Brust	0.0068					
	Eierstock-Uterus	0.0205					
	Endokrines_Gewebe	0.0000					
	Foetal	0.0233					
	Gastrointestinal	0.0366					
55	Haematopoetisch	0.0000					
	Haut-Muskel	0.0615					
	Hoden	0.0078					
	Lunge	0.0164					
	Nerven	0.0181					
60	Prostata	0.0192					
	Sinnesorgane	0.0387					

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 9

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0046		0.0128		0.3637	2.7495
	Brust	0.0053		0.0218		0.2446	4.0878
	Eierstock	0.0122		0.0026		4.6745	0.2139
10	Endokrines_Gewebe	0.0036		0.0109		0.3349	2.9861
	Gastrointestinal	0.0213		0.0048		4.4784	0.2233
	Gehirn	0.0051		0.0000		undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0028		0.0000		undef	0.0000
15	Haut	0.0348		0.0000		undef	0.0000
	Hepatisch	0.0297		0.0000		undef	0.0000
	Herz	0.0064		0.0137		0.4624	2.1624
	Hoden	0.0000		0.0000		undef	undef
20	Lunge	0.0324		0.0189		1.7118	0.5842
	Magen-Speiserohre	0.0000		0.0077		0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0017		0.0000		undef	0.0000
	Niere	0.0357		0.0000		undef	0.0000
25	Pankreas	0.0208		0.0000		undef	0.0000
	Penis	0.0000		0.0000		undef	undef
	Prostata	0.0214		0.0085		2.5169	0.3973
	Uterus	0.0050		0.0000		undef	0.0000
30	Brust-Hyperplasie	0.0145					
	Duennndarm	0.0031					
	Prostata-Hyperplasie	0.0178					
	Samenblase	0.0089					
35	Sinnesorgane	0.0000					
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000					
40	Entwicklung	0.0000					
	Gastrointestinal	0.0062					
	Gehirn	0.0000					
	Haematopoetisch	0.0039					
45	Herz-Blutgefuesse	0.0041					
	Lunge	0.0148					
	Niere	0.0000					
	Prostata	0.0000					
50	Sinnesorgane	0.0000					
55	Brust	0.0000					
	Eierstock-Uterus	0.0068					
	Endokrines_Gewebe	0.0000					
	Foetal	0.0058					
60	Gastrointestinal	0.0244					
	Haematopoetisch	0.0000					
	Haut-Muskel	0.0130					
	Hoden	0.0000					
	Lunge	0.0246					
	Nerven	0.0020					
	Prostata	0.0256					
	Sinnesorgane	0.0000					





## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 12

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5		Blase 0.0093	0.0026	3.6370	0.2750
		Brust 0.0160	0.0545	0.2936	3.4065
		Eierstock 0.0061	0.0078	0.7791	1.2836
10	Endokrines_Gewebe	0.0091	0.0082	1.1163	0.8958
	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0034	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0014	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0149	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0021	0.0275	0.0771	12.9744
	Hoden	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0025	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0089	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0120	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0048	0.0106	0.4475	2.2349
25	Uterus	0.0066	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0218			
	Duennndarm	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0238			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0044			
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
35	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0031			
	Gehirn	0.0125			
	Haematopoetisch	0.0039			
40	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0074			
	Niere	0.0000			
	Prostata	0.0249			
	Sinnesorgane	0.0000			
45		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock-Uterus	0.0046			
50	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0041			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
55	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0070			
	Prostata	0.0128			
60	Sinnesorgane	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 13

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0186		0.0128		1.4548	0.6874
	Brust	0.0093		0.0283		0.3293	3.0366
	Eierstock	0.0122		0.0026		4.6745	0.2139
	Endokrines_Gewebe	0.0237		0.0136		1.7414	0.5742
10	Gastrointestinal	0.0271		0.0000		undef	0.0000
	Gehirn	0.0068		0.0120		0.5630	1.7762
	Haematopoetisch	0.0084		0.0000		undef	0.0000
	Haut	0.0050		0.0000		undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0198		0.0065		3.0606	0.3267
	Herz	0.0307		0.0275		1.1176	0.8948
	Hoden	0.0122		0.0234		0.5224	1.9144
	Lunge	0.0125		0.0047		2.6336	0.3797
20	Magen-Speiseroehre	0.0290		0.0230		1.2599	0.7937
	Muskel-Skelett	0.0086		0.0180		0.4758	2.1015
	Niere	0.0119		0.0137		0.8683	1.1517
	Pankreas	0.0038		0.0166		0.2286	4.3753
25	Penis	0.0539		0.0000		undef	0.0000
	Prostata	0.0214		0.0341		0.6292	1.5892
	Uterus	0.0446		0.0142		3.1331	0.3192
	Brust-Hyperplasie	0.0036					
30	Duenn darm	0.0093					
	Prostata-Hyperplasie	0.0149					
	Samenblase	0.0534					
	Sinnesorgane	0.0000					
35	Weisse_Blutkoerperchen	0.0104					
40							
45							
50							
55							
60							

## FOETUS

## %Haeufigkeit

## NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN

## %Haeufigkeit

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 14

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Brust	0.0080	0.0261	0.3058	3.2702
	Eierstock	0.0061	0.0234	0.2597	3.8507
	Endokrines_Gewebe	0.0073	0.0163	0.4465	2.2395
	Gastrointestinal	0.0078	0.0048	1.6285	0.6141
10	Gehirn	0.0076	0.0077	0.9953	1.0047
	Haematopoetisch	0.0182	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0388	0.0000	undef
	Herz	0.0042	0.0000	undef	0.0000
15	Hoden	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0125	0.0165	0.7524	1.3290
	Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0153	0.6300	1.5874
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0149	0.0137	1.0854	0.9213
20	Pankreas	0.0019	0.0055	0.3428	2.9168
	Penis	0.0090	0.0267	0.3369	2.9680
	Prostata	0.0524	0.0341	1.5381	0.6501
	Uterus	0.0066	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0036			
25	Duenn darm	0.0062			
	Prostata-Hyperplasie	0.0386			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0235			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0113			
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
35	Entwicklung	0.0154			
	Gastrointestinal	0.0092			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0041			
40	Lunge	0.0259			
	Niere	0.0247			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
45		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock-Uterus	0.0183			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
50	Foetal	0.0181			
	Gastrointestinal	0.0366			
	Haematopoetisch	0.0285			
	Haut-Muskel	0.0324			
55	Hoden	0.0078			
	Lunge	0.0246			
	Nerven	0.0020			
	Prostata	0.0705			
60					

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 15

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0093	0.0102	0.9092	1.0998
	Brust	0.0027	0.0196	0.1359	7.3580
	Eierstock	0.0000	0.0234	0.0000	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0055	0.0381	0.1435	6.9675
	Gastrointestinal	0.0058	0.0143	0.4071	2.4562
	Gehirn	0.0076	0.0066	1.1612	0.8612
	Haematopoetisch	0.0084	0.0000	undef	0.0000
15	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0201	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0122	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0100	0.0165	0.6020	1.6612
20	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0153	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0060	0.2855	3.5025
	Niere	0.0119	0.0137	0.8683	1.1517
	Pankreas	0.0038	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0120	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0095	0.0128	0.7458	1.3409
25	Uterus	0.0066	0.0142	0.4642	2.1544
	Brust-Hyperplasie	0.0036			
	Duenn darm	0.0187			
	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
30	Samenblase	0.0356			
	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0052			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0123			
	Gehirn	0.0188			
40	Haematopoetisch	0.0118			
	Herz-Blutgefuesse	0.0123			
	Lunge	0.0185			
	Niere	0.0124			
	Prostata	0.0000			
45	Sinnesorgane	0.0140			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
	Eierstock-Uterus	0.0068			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0064			
	Gastrointestinal	0.0122			
55	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0130			
	Hoden	0.0312			
	Lunge	0.0164			
	Nerven	0.0070			
	Prostata	0.0128			
60	Sinnesorgane	0.0000			
65					

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 17

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0046	0.0077	0.6062	1.6497
	Brust	0.0040	0.0240	0.1668	5.9954
	Eierstock	0.0030	0.0130	0.2337	4.2786
	Endokrines_Gewebe	0.0018	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0271	0.0095	2.8499	0.3509
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0448	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0234	0.0000	undef
	Lunge	0.0087	0.0071	1.2290	0.8137
	Magen-Speiseroehre	0.0869	0.0230	3.7798	0.2646
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0180	0.0533	0.3369	2.9680
	Prostata	0.0048	0.0021	2.2373	0.4470
	Uterus	0.0116	0.0000	undef	0.0000
25	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Duennndarm	0.0125			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0118			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
35	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0039			
40	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0074			
	Niere	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
45					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock-Uterus	0.0000			
50	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0057			
55	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0000			
60	Sinnesorgane	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 18

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Brust	0.0027	0.0196	0.1359	7.3580
	Eierstock	0.0030	0.0208	0.1461	6.8457
	Endokrines_Gewebe	0.0182	0.0109	1.6745	0.5972
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0051	0.0099	0.5161	1.9377
	Haematopoetisch	0.0028	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch	0.0050	0.0065	0.7651	1.3069
	Herz	0.0085	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef
	Lunge	0.0100	0.0071	1.4046	0.7120
20	Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0188	0.0060	3.1406	0.3184
	Niere	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0055	0.0000	undef
25	Penis	0.0090	0.0533	0.1685	5.9360
	Prostata	0.0191	0.0106	1.7898	0.5587
	Uterus	0.0116	0.0071	1.6246	0.6155
	Brust-Hyperplasie	0.0036			
30	Duennndarm	0.0062			
	Prostata-Hyperplasie	0.0208			
	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0000			
35	Weisse_Blutkoerperchen	0.0044			
40					
45					
50					
55					
60					
65					



## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 20

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0000		0.0051		0.0000	undef
	Brust	0.0040		0.0240		0.1668	5.9954
	Eierstock	0.0182		0.0078		2.3372	0.4279
10	Endokrines_Gewebe	0.0164		0.0245		0.6698	1.4930
	Gastrointestinal	0.0213		0.0190		1.1196	0.8932
	Gehirn	0.0144		0.0186		0.7741	1.2918
15	Haematopoetisch	0.0056		0.0000		undef	0.0000
	Haut	0.0000		0.0000		undef	undef
	Hepatisch	0.0248		0.0065		3.8257	0.2614
20	Herz	0.0138		0.0000		undef	0.0000
	Hoden	0.0428		0.0000		undef	0.0000
	Lunge	0.0199		0.0165		1.2039	0.8306
25	Magen-Speiserohre	0.0097		0.0230		0.4200	2.3811
	Muskel-Skelett	0.0120		0.0000		undef	0.0000
	Niere	0.0119		0.0137		0.8683	1.1517
30	Pankreas	0.0038		0.0000		undef	0.0000
	Penis	0.0150		0.0000		undef	0.0000
	Prostata	0.0119		0.0192		0.6215	1.6091
35	Uterus	0.0132		0.0142		0.9283	1.0772
	Brust-Hyperplasie	0.0254					
	Duenn darm	0.0093					
40	Prostata-Hyperplasie	0.0238					
	Samenblase	0.0178					
	Sinnesorgane	0.0118					
45	Weisse_Blutkoerperchen	0.0044					
50							
55							
60							



## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 21

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0067	0.0261	0.2548	3.9243
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0018	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0039	0.0048	0.8143	1.2281
	Gehirn	0.0017	0.0022	0.7741	1.2918
	Haematopoetisch	0.0112	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0050	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
	Herz	0.0042	0.0137	0.3083	3.2436
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0037	0.0024	1.5801	0.6329
20	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0030	0.0137	0.2171	4.6066
	Pankreas	0.0000	0.0055	0.0000	undef
25	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0024	0.0000	undef	0.0000
	Uterus	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0073			
30	Duenn darm	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0052			
35	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0039			
40	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Prostata	0.0000			
45	Sinnesorgane	0.0000			
50	Brust	0.0068			
	Eierstock-Uterus	0.0046			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0023			
55	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0228			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
60	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0064			
	Sinnesorgane	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 22

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0046	0.0051	0.9092	1.0998		
	Brust	0.0093	0.0218	0.4281	2.3359		
	Eierstock	0.0061	0.0078	0.7791	1.2836		
	Endokrines_Gewebe	0.0055	0.0000	undef	0.0000		
10	Gastrointestinal	0.0039	0.0000	undef	0.0000		
	Gehirn	0.0059	0.0033	1.8062	0.5536		
	Haematopoetisch	0.0126	0.0000	undef	0.0000		
	Haut	0.0050	0.0847	0.0587	17.0262		
	Hepatisch	0.0050	0.0000	undef	0.0000		
15	Herz	0.0138	0.0137	1.0020	0.9980		
	Hoden	0.0061	0.0000	undef	0.0000		
	Lunge	0.0112	0.0024	4.7404	0.2110		
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0537	0.1800	5.5559		
	Muskel-Skelett	0.0086	0.0180	0.4758	2.1015		
20	Niere	0.0119	0.0274	0.4342	2.3033		
	Pankreas	0.0057	0.0000	undef	0.0000		
	Penis	0.0030	0.0267	0.1123	8.9040		
	Prostata	0.0143	0.0043	3.3559	0.2980		
	Uterus	0.0033	0.0071	0.4642	2.1544		
25	Brust-Hyperplasie	0.0036					
	Duenndarm	0.0062					
	Prostata-Hyperplasie	0.0089					
	Samenblase	0.0089					
	Sinnesorgane	0.0000					
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0070					
		FOETUS		%Haeufigkeit			
35	Entwicklung	0.0000					
	Gastrointestinal	0.0092					
	Gehirn	0.0125					
	Haematopoetisch	0.0157					
40	Herz-Blutgefuesse	0.0041					
	Lunge	0.0037					
	Niere	0.0000					
	Prostata	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					
45	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN						
		%Haeufigkeit					
	Brust	0.0000					
	Eierstock-Uterus	0.0114					
50	Endokrines_Gewebe	0.0000					
	Foetal	0.0029					
	Gastrointestinal	0.0000					
	Haematopoetisch	0.0114					
	Haut-Muskel	0.0000					
55	Hoden	0.0000					
	Lunge	0.0000					
	Nerven	0.0020					
	Prostata	0.0000					
60	Sinnesorgane	0.0000					

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 23

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0000		0.0077		0.0000	undef
	Brust	0.0040		0.0131		0.3058	3.2702
	Eierstock	0.0030		0.0000		undef	0.0000
10	Endokrines_Gewebe	0.0109		0.0000		undef	0.0000
	Gastrointestinal	0.0136		0.0048		2.8499	0.3509
	Gehirn	0.0059		0.0099		0.6021	1.6609
	Haematopoetisch	0.0056		0.0000		undef	0.0000
	Haut	0.0597		0.0000		undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0000		0.0065		0.0000	undef
	Herz	0.0064		0.0137		0.4624	2.1624
	Hoden	0.0000		0.0351		0.0000	undef
	Lunge	0.0012		0.0095		0.1317	7.5943
	Magen-Speiserohre	0.0193		0.0230		0.8399	1.1905
20	Muskel-Skelett	0.0069		0.0060		1.1420	0.8756
	Niere	0.0059		0.0068		0.8683	1.1517
	Pankreas	0.0038		0.0000		undef	0.0000
	Penis	0.0000		0.0000		undef	undef
	Prostata	0.0143		0.0213		0.6712	1.4899
25	Uterus	0.0066		0.0000		undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000					
	Duenndarm	0.0093					
	Prostata-Hyperplasie	0.0089					
	Samenblase	0.0178					
30	Sinnesorgane	0.0118					
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0044					
		FOETUS					
		%Haeufigkeit					
35	Entwicklung	0.0154					
	Gastrointestinal	0.0031					
	Gehirn	0.0250					
	Haematopoetisch	0.0000					
	Herz-Blutgefuesse	0.0245					
40	Lunge	0.0037					
	Niere	0.0185					
	Prostata	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
		%Haeufigkeit					
50	Brust	0.0136					
	Eierstock-Uterus	0.0297					
	Endokrines_Gewebe	0.0000					
	Foetal	0.0222					
	Gastrointestinal	0.0000					
55	Haematopoetisch	0.0000					
	Haut-Muskel	0.0000					
	Hoden	0.0000					
	Lunge	0.0082					
	Nerven	0.0030					
60	Prostata	0.0064					
	Sinnesorgane	0.0077					

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 24

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0046		0.0102		0.4546	2.1996
	Brust	0.0027		0.0174		0.1529	6.5404
	Eierstock	0.0152		0.0234		0.6492	1.5403
10	Endokrines_Gewebe	0.0146		0.0327		0.4465	2.2395
	Gastrointestinal	0.0291		0.0095		3.0535	0.3275
	Gehirn	0.0203		0.0252		0.8078	1.2380
	Haematopoetisch	0.0084		0.0000		undef	0.0000
	Haut	0.0149		0.0000		undef	0.0000
15	Lunge	0.0137		0.0118		1.1588	0.8630
	Magen-Speiserohre	0.0097		0.0153		0.6300	1.5874
	Muskel-Skelett	0.0206		0.0060		3.4261	0.2919
	Niere	0.0327		0.0411		0.7960	1.2563
	Pankreas	0.0114		0.0221		0.5143	1.9446
20	Penis	0.0329		0.0000		undef	0.0000
	Prostata	0.0286		0.0234		1.2203	0.8195
	Uterus	0.0165		0.0071		2.3208	0.4309
	Brust-Hyperplasie	0.0145					
	Duenn darm	0.0187					
25	Prostata-Hyperplasie	0.0119					
	Samenblase	0.0178					
	Sinnesorgane	0.0000					
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0122					
30		FOETUS					
		%Haeufigkeit					
	Entwicklung	0.0000					
35	Gastrointestinal	0.0154					
	Gehirn	0.0313					
	Haematopoetisch	0.0039					
	Herz-Blutgefuesse	0.0368					
	Lunge	0.0111					
40	Niere	0.0124					
	Prostata	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					
45		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
		%Haeufigkeit					
	Brust	0.0000					
	Eierstock-Uterus	0.0228					
	Endokrines_Gewebe	0.0245					
50	Foetal	0.0035					
	Gastrointestinal	0.0244					
	Haematopoetisch	0.0171					
	Haut-Muskel	0.0000					
	Hoden	0.0156					
55	Lunge	0.0246					
	Nerven	0.0090					
	Prostata	0.0192					
	Sinnesorgane	0.0000					
60	y						

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 25

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0051	0.0000	undef
	Brust	0.0040	0.0131	0.3058	3.2702
	Eierstock	0.0000	0.0052	0.0000	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0036	0.0027	1.3396	0.7465
	Gastrointestinal	0.0039	0.0048	0.8143	1.2281
	Gehirn	0.0102	0.0077	1.3270	0.7536
	Haematopoetisch	0.0084	0.0000	undef	0.0000
15	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0137	0.0000	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0012	0.0047	0.2634	3.7971
20	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0240	0.1428	7.0051
	Niere	0.0059	0.0068	0.8683	1.1517
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0030	0.0267	0.1123	8.9040
	Prostata	0.0000	0.0064	0.0000	undef
25	Uterus	0.0017	0.0071	0.2321	4.3088
	Brust-Hyperplasie	0.0036			
	Duenn darm	0.0062			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
30	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026			
FOETUS					
35	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0031			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
40	Herz-Blutgefasse	0.0000			
	Lunge	0.0111			
	Niere	0.0000			
	Prostata	0.0000			
45	Sinnesorgane	0.0000			
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
50	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
	Eierstock-Uterus	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
55	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0040			
	Prostata	0.0000			
60	Sinnesorgane	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 27

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0093	0.0077	1.2123	0.8249
	Brust	0.0067	0.0131	0.5096	1.9621
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0018	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0042	0.0175	0.2419	4.1338
	Haematopoetisch	0.0028	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0064	0.0412	0.1541	6.4872
	Hoden	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0062	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0153	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0120	0.1428	7.0051
20	Niere	0.0089	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0038	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0000	0.0267	0.0000	undef
	Prostata	0.0095	0.0021	4.4745	0.2235
	Uterus	0.0033	0.0142	0.2321	4.3088
25	Brust-Hyperplasie	0.0036			
	Duennndarm	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
FOETUS					
		%Haeufigkeit			
35	Entwicklung	0.0307			
	Gastrointestinal	0.0062			
	Gehirn	0.0250			
	Haematopoetisch	0.0197			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
40	Lunge	0.0185			
	Niere	0.0062			
	Prostata	0.0249			
	Sinnesorgane	0.0558			
45	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0068			
	Eierstock-Uterus	0.0091			
50	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0012			
	Gastrointestinal	0.0244			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
55	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0070			
	Prostata	0.0064			
60	Sinnesorgane	0.0000			
65					

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 29

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0000		0.0102		0.0000	undef
	Brust	0.0013		0.0109		0.1223	8.1755
	Eierstock	0.0030		0.0052		0.5843	1.7114
10	Endokrines_Gewebe	0.0036		0.0082		0.4465	2.2395
	Gastrointestinal	0.0058		0.0000		undef	0.0000
	Gehirn	0.0025		0.0307		0.0829	12.0569
	Haematopoetisch	0.0140		0.0000		undef	0.0000
15	Haut	0.0050		0.0000		undef	0.0000
	Hepatisch	0.0050		0.0000		undef	0.0000
	Herz	0.0000		0.0000		undef	undef
	Hoden	0.0000		0.0234		0.0000	undef
20	Lunge	0.0037		0.0000		undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0000		0.0000		undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0051		0.0060		0.8565	1.1675
	Niere	0.0000		0.0205		0.0000	undef
25	Pankreas	0.0038		0.0000		undef	0.0000
	Penis	0.0000		0.0000		undef	undef
	Prostata	0.0071		0.0043		1.6779	0.5960
	Uterus	0.0033		0.0000		undef	0.0000
30	Brust-Hyperplasie	0.0000					
	Duenn darm	0.0062					
	Prostata-Hyperplasie	0.0059					
	Samenblase	0.0089					
35	Sinnesorgane	0.0000					
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0226					
40	Entwicklung	0.0000					
	Gastrointestinal	0.0031					
	Gehirn	0.0000					
	Haematopoetisch	0.0197					
45	Herz-Blutgefuesse	0.0000					
	Lunge	0.0000					
	Niere	0.0000					
	Prostata	0.0000					
50	Sinnesorgane	0.0000					
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN						
	%Haeufigkeit						
	Brust	0.0204					
55	Eierstock-Uterus	0.0023					
	Endokrines_Gewebe	0.0000					
	Foetal	0.0023					
	Gastrointestinal	0.0000					
60	Haematopoetisch	0.0114					
	Haut-Muskel	0.0000					
	Hoden	0.0000					
	Lunge	0.0164					
65	Nerven	0.0030					
	Prostata	0.0128					
	Sinnesorgane	0.0000					

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 30

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0186	0.0153	1.2123	0.8249
	Brust	0.0133	0.0436	0.3058	3.2702
	Eierstock	0.0182	0.0130	1.4023	0.7131
10	Endokrines_Gewebe	0.0073	0.0191	0.3827	2.6128
	Gastrointestinal	0.0194	0.0095	2.0357	0.4912
	Gehirn	0.0237	0.0449	0.5287	1.8916
	Haematopoetisch	0.0098	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0099	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0050	0.0065	0.7651	1.3069
	Herz	0.0254	0.0550	0.4624	2.1624
	Hoden	0.0244	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0224	0.0165	1.3544	0.7383
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0307	0.0000	undef
20	Muskel-Skelett	0.0086	0.0180	0.4758	2.1015
	Niere	0.0208	0.0205	1.0130	0.9871
	Pankreas	0.0114	0.0387	0.2939	3.4030
	Penis	0.0120	0.0267	0.4492	2.2260
	Prostata	0.0214	0.0128	1.6779	0.5960
25	Uterus	0.0066	0.0142	0.4642	2.1544
	Brust-Hyperplasie	0.0073			
	Duennndarm	0.0031			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0118			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0305			
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
35	Entwicklung	0.1537			
	Gastrointestenstinal	0.0401			
	Gehirn	0.1126			
	Haematopoetisch	0.0472			
40	Herz-Blutgefuesse	0.0164			
	Lunge	0.0481			
	Niere	0.0247			
	Prostata	0.0499			
	Sinnesorgane	0.1954			
45		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0544			
	Eierstock-Uterus	0.0320			
50	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0636			
	Gastrointestinal	0.0610			
	Haematopoetisch	0.0057			
55	Haut-Muskel	0.1328			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0191			
	Prostata	0.0064			
	Sinnesorgane	0.0000			
60					



## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 31

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0046		0.0026		1.8185	0.5499
	Brust	0.0027		0.0109		0.2446	4.0878
	Eierstock	0.0000		0.0078		0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0018		0.0054		0.3349	2.9861
10	Gastrointestinal	0.0078		0.0048		1.6285	0.6141
	Gehirn	0.0263		0.0110		2.3997	0.4167
	Haematopoetisch	0.0042		0.0000		undef	0.0000
	Haut	0.0050		0.0000		undef	0.0000
	Hepatisch	0.0099		0.0000		undef	0.0000
15	Herz	0.0064		0.0275		0.2312	4.3248
	Hoden	0.0000		0.0117		0.0000	undef
	Lunge	0.0112		0.0047		2.3702	0.4219
	Magen-Speiserohre	0.0000		0.0000		undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0051		0.0060		0.8565	1.1675
20	Niere	0.0089		0.0000		undef	0.0000
	Pankreas	0.0057		0.0000		undef	0.0000
	Penis	0.0150		0.0000		undef	0.0000
	Prostata	0.0048		0.0064		0.7458	1.3409
	Uterus	0.0000		0.0000		undef	undef
25	Brust-Hyperplasie	0.0036					
	Duenn darm	0.0125					
	Prostata-Hyperplasie	0.0059					
	Samenblase	0.0089					
	Sinnesorgane	0.0000					
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0044					
		FOETUS					
		%Haeufigkeit					
35	Entwicklung	0.0000					
	Gastrointestinal	0.0031					
	Gehirn	0.0063					
	Haematopoetisch	0.0079					
40	Herz-Blutgefuesse	0.0000					
	Lunge	0.0000					
	Niere	0.0000					
	Prostata	0.0249					
	Sinnesorgane	0.0000					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
		%Haeufigkeit					
	Brust	0.0136					
	Eierstock-Uterus	0.0091					
50	Endokrines_Gewebe	0.0000					
	Foetal	0.0047					
	Gastrointestinal	0.0000					
	Haematopoetisch	0.0000					
55	Haut-Muskel	0.0227					
	Hoden	0.0000					
	Lunge	0.0246					
	Nerven	0.0231					
	Prostata	0.0064					
60	Sinnesorgane	0.0000					

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 33

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0139	0.0230	0.6062	1.6497
	Brust	0.0013	0.0131	0.1019	9.8107
	Eierstock	0.0061	0.0078	0.7791	1.2836
	Endokrines_Gewebe	0.0128	0.0027	4.6885	0.2133
	Gastrointestinal	0.0174	0.0048	3.6642	0.2729
10	Gehirn	0.0085	0.0142	0.5955	1.6794
	Haematopoetisch	0.0056	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0249	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0000	0.0259	0.0000	undef
	Herz	0.0159	0.0137	1.1561	0.8650
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0224	0.0260	0.8619	1.1602
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0000	undef	0.0000
20	Muskel-Skelett	0.0154	0.0060	2.5696	0.3892
	Niere	0.0149	0.0137	1.0854	0.9213
	Pankreas	0.0038	0.0110	0.3428	2.9168
	Penis	0.0120	0.0267	0.4492	2.2260
	Prostata	0.0191	0.0255	0.7458	1.3409
25	Uterus	0.0132	0.0071	1.8567	0.5386
	Brust-Hyperplasie	0.0145			
	Duenn darm	0.0093			
	Prostata-Hyperplasie	0.0208			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0183			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0123			
	Gehirn	0.0063			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0041			
	Lunge	0.0037			
	Niere	0.0124			
	Prostata	0.0748			
45	Sinnesorgane	0.0000			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0204			
	Eierstock-Uterus	0.0091			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
55	Foetal	0.0070			
	Gastrointestinal	0.0366			
	Haematopoetisch	0.0114			
	Haut-Muskel	0.0356			
	Hoden	0.0000			
60	Lunge	0.0164			
	Nerven	0.0010			
	Prostata	0.0128			
	Sinnesorgane	0.0155			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 35

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0139	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0013	0.0109	0.1223	8.1755
	Eierstock	0.0091	0.0078	1.1686	0.8557
	Endokrines_Gewebe	0.0128	0.0082	1.5628	0.6399
10	Gastrointestinal	0.0097	0.0095	1.0178	0.9825
	Gehirn	0.0068	0.0066	1.0321	0.9689
	Haematopoetisch	0.0028	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0099	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0248	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0037	0.0095	0.3950	2.5314
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0153	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0069	0.0060	1.1420	0.8756
20	Niere	0.0149	0.0068	2.1708	0.4607
	Pankreas	0.0057	0.0055	1.0285	0.9723
	Penis	0.0120	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0048	0.0064	0.7458	1.3409
	Uterus	0.0017	0.0071	0.2321	4.3088
25	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Duennndarm	0.0093			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0118			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017			
FOETUS					
	%Haeufigkeit				
35	Entwicklung	0.0154			
	Gastrointestinal	0.0062			
	Gehirn	0.0063			
	Haematopoetisch	0.0000			
40	Herz-Blutgefuesse	0.0041			
	Lunge	0.0074			
	Niere	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
45	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0068			
50	Eierstock-Uterus	0.0091			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0111			
	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0057			
55	Haut-Muskel	0.0453			
	Hoden	0.0078			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0100			
	Prostata	0.0128			
60	Sinnesorgane	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 36

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0013	0.0109	0.1223	8.1755
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0027	0.0000	undef
	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0051	0.0011	4.6446	0.2153
	Haematopoetisch	0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0048	0.0021	2.2373	0.4470
25	Uterus	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Duenn darm	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026			
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
35	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointenstinal	0.0031			
	Gehirn	0.0125			
	Haematopoetisch	0.0000			
40	Herz-Blutgefaessee	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
45		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock-Uterus	0.0114			
50	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0017			
	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0000			
55	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0020			
	Prostata	0.0064			
	Sinnesorgane	0.0000			
60					

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 37

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0046	0.0102	0.4546	2.1996
	Brust	0.0000	0.0218	0.0000	undef
	Eierstock	0.0122	0.0442	0.2750	3.6368
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0027	0.0000	undef
10	Gastrointestinal	0.0136	0.0190	0.7125	1.4035
	Gehirn	0.0008	0.0077	0.1106	9.0427
	Haematopoetisch	0.0322	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0129	0.0000	undef
15	Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0234	0.0000	undef
	Lunge	0.0535	0.0473	1.1324	0.8831
	Magen-Speiseroehre	0.0676	0.0767	0.8819	1.1339
	Muskel-Skelett	0.0086	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Pankreas	0.0114	0.0055	2.0570	0.4861
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0071	0.0128	0.5593	1.7879
	Uterus	0.0017	0.0000	undef	0.0000
25	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Duennndarm	0.0249			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0235			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.1140			
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
35	Entwicklung	0.0154			
	Gastrointestinal	0.0154			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0039			
	Herz-Blutgefuesse	0.0041			
40	Lunge	0.0037			
	Niere	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
45					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock-Uterus	0.0000			
50	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0029			
	Gastrointestinal	0.0366			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
55	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
60					

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 38

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0067	0.0131	0.5096	1.9621
	Eierstock	0.0061	0.0000	undef	0.0000
10	Endokrines_Gewebe	0.0036	0.0000	undef	0.0000
	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0000	0.0033	0.0000	undef
	Haematopoetisch	0.0084	0.0000	undef	0.0000
15	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0119	0.0000	undef	0.0000
25	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0024	0.0043	0.5593	1.7879
	Uterus	0.0017	0.0000	undef	0.0000
30	Brust-Hyperplasie	0.0073			
	Duenndarm	0.0031			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
35	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026			
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
35	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Niere	0.0124			
45	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
50	Brust	0.0000			
	Eierstock-Uterus	0.0046			
	Endokrines_Gewebe	0.0490			
	Foetal	0.0029			
55	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
60	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0131			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 39

5		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
	Blase	0.0093	0.0077	1.2123	0.8249
	Brust	0.0053	0.0283	0.1882	5.3141
	Eierstock	0.0122	0.0130	0.9349	1.0696
10	Endokrines_Gewebe	0.0347	0.0300	1.1569	0.8644
	Gastrointestinal	0.0136	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0153	0.0131	1.1612	0.8612
	Haematopoetisch	0.0056	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0199	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0198	0.0065	3.0606	0.3267
	Herz	0.0127	0.0137	0.9249	1.0812
	Hoden	0.0122	0.0117	1.0447	0.9572
	Lunge	0.0212	0.0165	1.2792	0.7818
	Magen-Speiserohre	0.0193	0.0000	undef	0.0000
20	Muskel-Skelett	0.0120	0.0180	0.6662	1.5011
	Niere	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0133	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0030	0.0533	0.0562	17.8081
	Prostata	0.0167	0.0064	2.6101	0.3831
25	Uterus	0.0066	0.0071	0.9283	1.0772
	Brust-Hyperplasie	0.0073			
	Duennndarm	0.0125			
	Prostata-Hyperplasie	0.0208			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0353			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0235			
		FOETUS			
35		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0031			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0079			
40	Herz-Blutgefuesse	0.0041			
	Lunge	0.0111			
	Niere	0.0000			
	Prostata	0.0000			
45	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
50	Brust	0.0068			
	Eierstock-Uterus	0.0274			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0204			
	Gastrointestinal	0.0244			
	Haematopoetisch	0.0000			
55	Haut-Muskel	0.0421			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0164			
	Nerven	0.0151			
	Prostata	0.0256			
60	Sinnesorgane	0.0542			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 40

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0027	0.0174	0.1529	6.5404
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0082	0.0000	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0048	0.0000	undef
10	Gehirn	0.0076	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0028	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0149	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0050	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0087	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0051	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0024	0.0021	1.1186	0.8939
	Uterus	0.0017	0.0000	undef	0.0000
25	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Duenndarm	0.0031			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0178			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0070			
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
35	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
40	Lunge	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
45		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock-Uterus	0.0000			
50	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0117			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
55	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0070			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
60					





## Elektronisch r Northern für SEQ. ID. NO: 42

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0051	0.0000	undef
	Brust	0.0053	0.0109	0.4893	2.0439
	Eierstock	0.0030	0.0052	0.5843	1.7114
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0027	0.0000	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0050	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0050	0.0024	2.1069	0.4746
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0048	0.0000	undef	0.0000
	Uterus	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Brust-Hyperplasie	0.0036			
	Duenndarm	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0235			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
35	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
40	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
45					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0340			
	Eierstock-Uterus	0.0000			
50	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0146			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0130			
55	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0181			
	Prostata	0.0000			
60	Sinnesorgane	0.0077			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 43

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0000		0.0026		0.0000	undef
	Brust	0.0013		0.0109		0.1223	8.1755
	Eierstock	0.0030		0.0000		undef	0.0000
10	Endokrines_Gewebe	0.0018		0.0000		undef	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000		0.0000		undef	undef
	Gehirn	0.0008		0.0000		undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000		0.0000		undef	undef
15	Haut	0.0000		0.0000		undef	undef
	Hepatisch	0.0000		0.0000		undef	undef
	Herz	0.0000		0.0000		undef	undef
	Hoden	0.0000		0.0000		undef	undef
	Lunge	0.0000		0.0024		0.0000	undef
20	Magen-Speiseroehre	0.0000		0.0000		undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000		0.0000		undef	undef
	Niere	0.0030		0.0000		undef	0.0000
	Pankreas	0.0000		0.0000		undef	undef
	Penis	0.0000		0.0267		0.0000	undef
25	Prostata	0.0000		0.0000		undef	undef
	Uterus	0.0017		0.0000		undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000					
	Duenn darm	0.0000					
	Prostata-Hyperplasie	0.0000					
30	Samenblase	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0118					
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000					
FOETUS							
35	%Haeufigkeit						
	Entwicklung	0.0000					
	Gastrointestinal	0.0000					
	Gehirn	0.0000					
	Haematopoetisch	0.0000					
40	Herz-Blutgefasse	0.0000					
	Lunge	0.0000					
	Niere	0.0000					
	Prostata	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN							
50	%Haeufigkeit						
	Brust	0.0000					
	Eierstock-Uterus	0.0000					
	Endokrines_Gewebe	0.0000					
	Foetal	0.0029					
55	Gastrointestinal	0.0000					
	Haematopoetisch	0.0000					
	Haut-Muskel	0.0000					
	Hoden	0.0000					
	Lunge	0.0000					
60	Nerven	0.0010					
	Prostata	0.0064					
	Sinnesorgane	0.0000					

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 44

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0013	0.0153	0.0874	11.4458
	Eierstock	0.0000	0.0052	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0048	0.0000	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0012	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0193	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Duenndarm	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
35	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0039			
40	Herz-Blutgefuesse	0.0041			
	Lunge	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
45	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock-Uterus	0.0023			
50	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
55	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0010			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
60					

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 45

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0139	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0093	0.0196	0.4757	2.1023
	Eierstock	0.0122	0.0078	1.5582	0.6418
	Endokrines_Gewebe	0.0036	0.0054	0.6698	1.4930
10	Gastrointestinal	0.0097	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0110	0.0131	0.8386	1.1924
	Haematopoetisch	0.0028	0.0378	0.0739	13.5274
	Haut	0.0348	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0099	0.0000	undef	0.0000
	Herz	0.0106	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0061	0.0117	0.5224	1.9144
	Lunge	0.0112	0.0095	1.1851	0.8438
20	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0051	0.0060	0.8565	1.1675
	Niere	0.0089	0.0068	1.3025	0.7678
	Pankreas	0.0133	0.0055	2.3999	0.4167
25	Penis	0.0090	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0095	0.0043	2.2373	0.4470
	Uterus	0.0066	0.0071	0.9283	1.0772
	Brust-Hyperplasie	0.0109			
30	Duenndarm	0.0062			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0078			
FOETUS					
35		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0154			
	Gastrointestinal	0.0092			
	Gehirn	0.0125			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0082			
	Lunge	0.0296			
	Niere	0.0000			
45	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
50		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock-Uterus	0.0046			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
55	Foetal	0.0210			
	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0114			
	Haut-Muskel	0.0032			
60	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0164			
	Nerven	0.0131			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 46

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0232	0.0051	4.5462	0.2200
	Brust	0.0027	0.0153	0.1747	5.7229
	Eierstock	0.0030	0.0078	0.3895	2.5671
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0054	0.0000	undef
	Gastrointestinal	0.0019	0.0095	0.2036	4.9124
10	Gehirn	0.0076	0.0099	0.7741	1.2918
	Haematopoetisch	0.0028	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch	0.0050	0.0065	0.7651	1.3069
	Herz	0.0053	0.0550	0.0963	10.3795
	Hoden	0.0122	0.0117	1.0447	0.9572
	Lunge	0.0037	0.0071	0.5267	1.8986
	Magen-Speiseroehre	0.0290	0.0077	3.7798	0.2646
20	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0089	0.0068	1.3025	0.7678
	Pankreas	0.0076	0.0055	1.3713	0.7292
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0024	0.0106	0.2237	4.4697
25	Uterus	0.0083	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Duenn darm	0.0062			
	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017			
FOETUS					
35		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0063			
	Haematopoetisch	0.0000			
40	Herz-Blutgefuesse	0.0041			
	Lunge	0.0074			
	Niere	0.0247			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
50		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock-Uterus	0.0068			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0017			
55	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
60	Nerven	0.0020			
	Prostata	0.0128			
	Sinnesorgane	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 47

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0000		0.0051		0.0000	undef
	Brust	0.0013		0.0131		0.1019	9.8107
	Eierstock	0.0030		0.0052		0.5843	1.7114
	Endokrines_Gewebe	0.0055		0.0000		undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0000		0.0000		undef	undef
	Gehirn	0.0068		0.0055		1.2386	0.8074
	Haematopoetisch	0.0042		0.0000		undef	0.0000
	Haut	0.0000		0.0000		undef	undef
15	Hepatisch	0.0099		0.0000		undef	0.0000
	Herz	0.0032		0.0000		undef	0.0000
	Hoden	0.0000		0.0000		undef	undef
	Lunge	0.0000		0.0047		0.0000	undef
20	Magen-Speiserohre	0.0000		0.0153		0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0034		0.0000		undef	0.0000
	Niere	0.0089		0.0068		1.3025	0.7678
	Pankreas	0.0000		0.0000		undef	undef
25	Penis	0.0030		0.0000		undef	0.0000
	Prostata	0.0000		0.0085		0.0000	undef
	Uterus	0.0033		0.0000		undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0073					
30	Duenn darm	0.0062					
	Prostata-Hyperplasie	0.0059					
	Samenblase	0.0178					
	Sinnesorgane	0.0000					
35	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009					
40							
45							
50							
55							
60							

FOETUS  
%Haeufigkeit

Entwicklung	0.0154
Gastrointestinal	0.0031
Gehirn	0.0063
Haematopoetisch	0.0000
Herz-Blutgefuesse	0.0000
Lunge	0.0000
Niere	0.0062
Prostata	0.0000
Sinnesorgane	0.0000

NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN  
%Haeufigkeit

Brust	0.0000
Eierstock-Uterus	0.0023
Endokrines_Gewebe	0.0000
Foetal	0.0023
Gastrointestinal	0.0000
Haematopoetisch	0.0000
Haut-Muskel	0.0065
Hoden	0.0000
Lunge	0.0082
Nerven	0.0000
Prostata	0.0000
Sinnesorgane	0.0000

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 48

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0093	0.0051	1.8185	0.5499
	Brust	0.0053	0.0196	0.2718	3.6790
	Eierstock	0.0061	0.0052	1.1686	0.8557
10	Endokrines Gewebe	0.0073	0.0109	0.6698	1.4930
	Gastrointestinal	0.0097	0.0143	0.6786	1.4737
	Gehirn	0.0059	0.0022	2.7094	0.3691
	Haematopoetisch	0.0042	0.0378	0.1109	9.0183
15	Haut	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
	Herz	0.0138	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0122	0.0234	0.5224	1.9144
	Lunge	0.0012	0.0071	0.1756	5.6957
20	Magen-Speiserohre	0.0290	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0051	0.0120	0.4283	2.3350
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0095	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0150	0.0000	undef	0.0000
25	Prostata	0.0048	0.0085	0.5593	1.7879
	Uterus	0.0050	0.0071	0.6963	1.4363
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Duennndarm	0.0093			
30	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0044			
FOETUS					
		%Haeufigkeit			
35	Entwicklung	0.0307			
	Gastrointestinal	0.0062			
	Gehirn	0.0063			
	Haematopoetisch	0.0118			
40	Herz-Blutgefuesse	0.0164			
	Lunge	0.0148			
	Niere	0.0062			
	Prostata	0.0499			
45	Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
		%Haeufigkeit			
	50	Brust	0.0000		
Eierstock-Uterus		0.0137			
Endokrines Gewebe		0.0000			
Foetal		0.0187			
55	Gastrointestinal	0.0244			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0194			
	Hoden	0.0156			
60	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0131			
	Prostata	0.0321			
	Sinnesorgane	0.0000			





## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 50

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0179	0.0000	undef
	Brust	0.0013	0.0065	0.2039	4.9053
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0018	0.0000	undef	0.0000
	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0008	0.0022	0.3871	2.5836
	Haematopoetisch	0.0014	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0012	0.0047	0.2634	3.7971
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0017	0.0060	0.2855	3.5025
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0055	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus	0.0083	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Duenn darm	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
35	Entwicklung	0.0000	FOETUS		
	Gastrointenstinal	0.0000	%Haeufigkeit		
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
40	Herz-Blutgefaesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
45					
50	Brust	0.0000	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN		
	Eierstock-Uterus	0.0046	%Haeufigkeit		
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0064			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
55	Haut-Muskel	0.0065			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0164			
	Nerven	0.0040			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
60					
					</

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 51

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0051	0.0000	undef
	Brust	0.0053	0.0153	0.3495	2.8614
	Eierstock	0.0213	0.0234	0.9089	1.1002
10	Endokrines_Gewebe	0.0182	0.0518	0.3525	2.8368
	Gastrointestinal	0.0078	0.0048	1.6285	0.6141
	Gehirn	0.0136	0.0120	1.1260	0.8881
15	Haematopoetisch	0.0098	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0194	0.0000	undef
20	Herz	0.0095	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0428	0.0117	3.6565	0.2735
	Lunge	0.0137	0.0142	0.9656	1.0356
25	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0600	0.0286	35.0255
	Niere	0.0178	0.0479	0.3721	2.6872
30	Pankreas	0.0170	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0150	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0071	0.0383	0.1864	5.3637
35	Uterus	0.0066	0.0071	0.9283	1.0772
	Brust-Hyperplasie	0.0218			
	Duenndarm	0.0000			
40	Prostata-Hyperplasie	0.0208			
	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0353			
45	Weisse_Blutkoerperchen	0.0218			
50	Entwicklung	0.0154			
	Gastrointestinal	0.0123			
	Gehirn	0.0000			
55	Haematopoetisch	0.0039			
	Herz-Blutgefuesse	0.0164			
	Lunge	0.0037			
60	Niere	0.0185			
	Prostata	0.0249			
	Sinnesorgane	0.0140			
65					
70					
75					
80					
85					
90					
95					
100					

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 52

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0232	0.0256	0.9092	1.0998
	Brust	0.0053	0.0131	0.4077	2.4527
	Eierstock	0.0061	0.0078	0.7791	1.2836
10	Endokrines_Gewebe	0.0109	0.0054	2.0093	0.4977
	Gastrointestinal	0.0097	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0042	0.0131	0.3225	3.1004
	Haematopoetisch	0.0098	0.0000	undef	0.0000
15	Haut	0.0249	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0201	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef
20	Lunge	0.0125	0.0118	1.0534	0.9493
	Magen-Speiseroehre	0.0386	0.0153	2.5198	0.3968
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0060	0.5710	1.7513
	Niere	0.0119	0.0137	0.8683	1.1517
25	Pankreas	0.0038	0.0110	0.3428	2.9168
	Penis	0.0090	0.0533	0.1685	5.9360
	Prostata	0.0119	0.0170	0.6991	1.4303
	Uterus	0.0099	0.0142	0.6963	1.4363
30	Brust-Hyperplasie	0.0073			
	Duennndarm	0.0125			
	Prostata-Hyperplasie	0.0119			
	Samenblase	0.0178			
35	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0052			
40		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
45	Entwicklung	0.0307			
	Gastrointestinal	0.0062			
	Gehirn	0.0063			
	Haematopoetisch	0.0236			
50	Herz-Blutgefuesse	0.0041			
	Lunge	0.0037			
	Niere	0.0000			
	Prostata	0.0748			
55	Sinnesorgane	0.0000			
60		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
65	Brust	0.0000			
	Eierstock-Uterus	0.0205			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0128			
70	Gastrointestinal	0.0244			
	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0130			
	Hoden	0.0078			
75	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0030			
	Prostata	0.0128			
	Sinnesorgane	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 53

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0093		0.0051		1.8185	0.5499
	Brust	0.0053		0.0153		0.3495	2.8614
	Eierstock	0.0000		0.0026		0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0018		0.0000		undef	0.0000
	Gastrointestinal	0.0039		0.0143		0.2714	3.6843
10	Gehirn	0.0034		0.0164		0.2064	4.8443
	Haematopoetisch	0.0028		0.0000		undef	0.0000
	Haut	0.0050		0.0000		undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000		0.0194		0.0000	undef
	Herz	0.0032		0.0000		undef	0.0000
15	Hoden	0.0061		0.0000		undef	0.0000
	Lunge	0.0075		0.0047		1.5801	0.6329
	Magen-Speiseroehre	0.0000		0.0000		undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0034		0.0180		0.1903	5.2538
20	Niere	0.0059		0.0137		0.4342	2.3033
	Pankreas	0.0019		0.0055		0.3428	2.9168
	Penis	0.0060		0.0000		undef	0.0000
	Prostata	0.0024		0.0043		0.5593	1.7879
	Uterus	0.0066		0.0000		undef	0.0000
25	Brust-Hyperplasie	0.0073					
	Duennndarm	0.0093					
	Prostata-Hyperplasie	0.0030					
	Samenblase	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0118					
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000					
		FOETUS					
		%Haeufigkeit					
35	Entwicklung	0.0000					
	Gastrointestinal	0.0031					
	Gehirn	0.0000					
	Haematopoetisch	0.0079					
	Herz-Blutgefuesse	0.0000					
40	Lunge	0.0000					
	Niere	0.0062					
	Prostata	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
		%Haeufigkeit					
45	Brust	0.0000					
	Eierstock-Uterus	0.0046					
50	Endokrines_Gewebe	0.0000					
	Foetal	0.0006					
	Gastrointestinal	0.0000					
	Haematopoetisch	0.0057					
	Haut-Muskel	0.0097					
55	Hoden	0.0000					
	Lunge	0.0082					
	Nerven	0.0050					
	Prostata	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					
60							

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 54

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0139	0.0102	1.3639	0.7332		
	Brust	0.0080	0.0218	0.3669	2.7252		
	Eierstock	0.0122	0.0182	0.6678	1.4975		
10	Endokrines_Gewebe	0.0128	0.0191	0.6698	1.4930		
	Gastrointestinal	0.0097	0.0286	0.3393	2.9474		
	Gehirn	0.0059	0.0110	0.5419	1.8454		
	Haematopoetisch	0.0280	0.0000	undef	0.0000		
15	Haut	0.0050	0.0000	undef	0.0000		
	Hepatisch	0.0000	0.0129	0.0000	undef		
	Herz	0.0127	0.0000	undef	0.0000		
	Hoden	0.0122	0.0117	1.0447	0.9572		
20	Lunge	0.0100	0.0071	1.4046	0.7120		
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0153	0.0000	undef		
	Muskel-Skelett	0.0223	0.0000	undef	0.0000		
	Niere	0.0149	0.0137	1.0854	0.9213		
25	Pankreas	0.0133	0.0442	0.3000	3.3335		
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000		
	Prostata	0.0095	0.0128	0.7458	1.3409		
	Uterus	0.0264	0.0000	undef	0.0000		
30	Brust-Hyperplasie	0.0036					
	Duenndarm	0.0125					
	Prostata-Hyperplasie	0.0238					
	Samenblase	0.0267					
35	Sinnesorgane	0.0118					
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026					
		FOETUS					
		%Haeufigkeit					
40	Entwicklung	0.0000					
	Gastrointestinal	0.0123					
	Gehirn	0.0125					
45	Haematopoetisch	0.0118					
	Herz-Blutgefuesse	0.0000					
	Lunge	0.0111					
50	Niere	0.0309					
	Prostata	0.0249					
	Sinnesorgane	0.0000					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
		%Haeufigkeit					
55	Brust	0.0136					
	Eierstock-Uterus	0.0274					
	Endokrines_Gewebe	0.0245					
60	Foetal	0.0099					
	Gastrointestinal	0.0122					
	Haematopoetisch	0.0228					
65	Haut-Muskel	0.0324					
	Hoden	0.0000					
	Lunge	0.0082					
70	Nerven	0.0131					
	Prostata	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0077					

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 55

5		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
	Blase	0.0046	0.0051	0.9092	1.0998
	Brust	0.0067	0.0153	0.4368	2.2892
	Eierstock	0.0000	0.0130	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0091	0.0136	0.6698	1.4930
10	Gastrointestinal	0.0136	0.0143	0.9500	1.0527
	Gehirn	0.0144	0.0088	1.6450	0.6079
	Haematopoetisch	0.0070	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0099	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0042	0.0137	0.3083	3.2436
	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef
	Lunge	0.0062	0.0095	0.6584	1.5189
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0997	0.0000	undef
20	Muskel-Skelett	0.0017	0.0180	0.0952	10.5076
	Niere	0.0119	0.0137	0.8683	1.1517
	Pankreas	0.0095	0.0110	0.8571	1.1667
	Penis	0.0150	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0071	0.0128	0.5593	1.7879
	Uterus	0.0099	0.0071	1.3925	0.7181
25	Brust-Hyperplasie	0.0036			
	Duenndarm	0.0218			
	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0070			
FOETUS					
		%Haeufigkeit			
35	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0031			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0157			
40	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
45	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0068			
50	Eierstock-Uterus	0.0068			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0029			
	Gastrointestinal	0.0366			
	Haematopoetisch	0.0171			
55	Haut-Muskel	0.0032			
	Hoden	0.0078			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0080			
	Prostata	0.0064			
60	Sinnesorgane	0.0077			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 56

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0204	0.0000	undef
	Brust	0.0000	0.0218	0.0000	undef
	Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0054	0.0000	undef
10	Gastrointestinal	0.0039	0.0048	0.8143	1.2281
	Gehirn	0.0008	0.0011	0.7741	1.2918
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0012	0.0047	0.2634	3.7971
20	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0110	0.0000	undef
25	Penis	0.0000	0.0267	0.0000	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus	0.0033	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
30	Duenndarm	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
35	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
40					
45					
50					
55					
60					



## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 57

5		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
	Blase	0.0046	0.0051	0.9092	1.0998
	Brust	0.0027	0.0109	0.2446	4.0878
	Eierstock	0.0091	0.0026	3.5059	0.2852
10	Endokrines_Gewebe	0.0036	0.0054	0.6698	1.4930
	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0017	0.0044	0.3871	2.5836
	Haematopoetisch	0.0028	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0847	0.0000	undef
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0017	0.0060	0.2855	3.5025
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0057	0.0110	0.5143	1.9446
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0021	0.0000	undef
25	Uterus	0.0033	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Duenn darm	0.0031			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0061			
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
35	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0031			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0079			
40	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0074			
	Niere	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
45		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock-Uterus	0.0000			
50	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0000			
55	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0050			
	Prostata	0.0128			
60	Sinnesorgane	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 58

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0173	0.0523	0.3313	3.0187
	Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0018	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0028	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0050	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0024	0.0000	undef	0.0000
	Uterus	0.0066	0.0285	0.2321	4.3088
	Brust-Hyperplasie	0.0073			
30	Duenn darm	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
FOETUS					
35	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Niere	0.0000			
45	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
50	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
	Eierstock-Uterus	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
55	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
60	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0128			
	Sinnesorgane	0.0000			



## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 61

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0013	0.0109	0.1223	8.1755
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0091	0.0245	0.3721	2.6874
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0017	0.0022	0.7741	1.2918
	Haematopoetisch	0.0014	0.0000	undef	0.0000
15	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0050	0.0024	2.1069	0.4746
20	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0055	0.0000	undef
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0024	0.0085	0.2797	3.5758
	Uterus	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Duenndarm	0.0031			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
35	FOETUS				
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0031			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0157			
	Herz-Blutgefuesse	0.0041			
40	Lunge	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
45	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
		%Haeufigkeit			
50	Brust	0.0000			
	Eierstock-Uterus	0.0068			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0128			
	Gastrointestinal	0.0000			
55	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0162			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0020			
60	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			



## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 63

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0046	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0000	0.0109	0.0000	undef
	Eierstock	0.0030	0.0026	1.1686	0.8557
	Endokrines_Gewebe	0.0018	0.0027	0.6698	1.4930
10	Gastrointestinal	0.0039	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0034	0.0044	0.7741	1.2918
	Haematopoetisch	0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0149	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0012	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0017	0.0060	0.2855	3.5025
	Niere	0.0059	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0019	0.0055	0.3428	2.9168
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus	0.0033	0.0000	undef	0.0000
25	Brust-Hyperplasie	0.0036			
	Duenndarm	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026			
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
35	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0092			
	Gehirn	0.0125			
	Haematopoetisch	0.0039			
40	Herz-Blutgefuesse	0.0082			
	Lunge	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
45	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
50	Eierstock-Uterus	0.0046			
	Endokrines_Gewebe	0.0490			
	Foetal	0.0058			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
55	Haut-Muskel	0.0065			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0010			
	Prostata	0.0000			
60	Sinnesorgane	0.0000			



## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 65

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0000		0.0051		0.0000	undef
	Brust	0.0053		0.0174		0.3058	3.2702
	Eierstock	0.0061		0.0026		2.3372	0.4279
	Endokrines_Gewebe	0.0073		0.0027		2.6791	0.3733
10	Gastrointestinal	0.0097		0.0048		2.0357	0.4912
	Gehirn	0.0059		0.0055		1.0837	0.9227
	Haematopoetisch	0.0042		0.0000		undef	0.0000
	Haut	0.0050		0.0000		undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000		0.0000		undef	undef
15	Herz	0.0053		0.0000		undef	0.0000
	Hoden	0.0000		0.0000		undef	undef
	Lunge	0.0087		0.0071		1.2290	0.8137
	Magen-Speiserohre	0.0000		0.0153		0.0000	undef
20	Muskel-Skelett	0.0103		0.0000		undef	0.0000
	Niere	0.0000		0.0068		0.0000	undef
	Pankreas	0.0038		0.0055		0.6857	1.4584
	Penis	0.0120		0.0267		0.4492	2.2260
	Prostata	0.0000		0.0021		0.0000	undef
	Uterus	0.0099		0.0142		0.6963	1.4363
25	Brust-Hyperplasie	0.0000					
	Duenn darm	0.0000					
	Prostata-Hyperplasie	0.0000					
	Samenblase	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0087					
FOETUS							
	%Haeufigkeit						
35	Entwicklung	0.0000					
	Gastrointestinal	0.0154					
	Gehirn	0.0000					
	Haematopoetisch	0.0039					
40	Herz-Blutgefuesse	0.0041					
	Lunge	0.0000					
	Niere	0.0000					
	Prostata	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					
45	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN						
	%Haeufigkeit						
	Brust	0.0136					
	Eierstock-Uterus	0.0046					
50	Endokrines_Gewebe	0.0000					
	Foetal	0.0082					
	Gastrointestinal	0.0000					
	Haematopoetisch	0.0000					
55	Haut-Muskel	0.0032					
	Hoden	0.0156					
	Lunge	0.0082					
	Nerven	0.0040					
	Prostata	0.0128					
60	Sinnesorgane	0.0000					



## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 66

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0093		0.1508		0.0616	16.2223
	Brust	0.0013		0.0392		0.0340	29.4320
	Eierstock	0.0152		0.0000		undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0018		0.0027		0.6698	1.4930
10	Gastrointestinal	0.0174		0.0048		3.6642	0.2729
	Gehirn	0.0051		0.0055		0.9289	1.0765
	Haematopoetisch	0.0993		0.0000		undef	0.0000
	Haut	0.0249		0.0000		undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0000		0.0129		0.0000	undef
	Herz	0.0053		0.0000		undef	0.0000
	Hoden	0.0061		0.0000		undef	0.0000
	Lunge	0.0261		0.0307		0.8508	1.1753
20	Magen-Speiserohre	0.1062		0.0230		4.6197	0.2165
	Muskel-Skelett	0.0171		0.0180		0.9517	1.0508
	Niere	0.0000		0.0068		0.0000	undef
	Pankreas	0.0114		0.0000		undef	0.0000
25	Penis	0.1258		0.1600		0.7862	1.2720
	Prostata	0.0000		0.0000		undef	undef
	Uterus	0.0826		0.0000		undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0036					
30	Duennndarm	0.0000					
	Prostata-Hyperplasie	0.0000					
	Samenblase	0.0178					
	Sinnesorgane	0.0000					
35	Weisse_Blutkoerperchen	0.1018					
40							
45							
50							
55							

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 67

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0093		0.0051		1.8185	0.5499
	Brust	0.0013		0.0044		0.3058	3.2702
	Eierstock	0.0000		0.0052		0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0073		0.0109		0.6698	1.4930
10	Gastrointestinal	0.0000		0.0000		undef	undef
	Gehirn	0.0068		0.0055		1.2386	0.8074
	Haematopoetisch	0.0028		0.0000		undef	0.0000
	Haut	0.0000		0.0000		undef	undef
15	Hepatisch	0.0000		0.0129		0.0000	undef
	Herz	0.0042		0.0000		undef	0.0000
	Hoden	0.0000		0.0234		0.0000	undef
	Lunge	0.0025		0.0000		undef	0.0000
20	Magen-Speiseroehre	0.0000		0.0000		undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000		0.0000		undef	undef
	Niere	0.0000		0.0068		0.0000	undef
	Pankreas	0.0057		0.0000		undef	0.0000
25	Penis	0.0030		0.0000		undef	0.0000
	Prostata	0.0786		0.0554		1.4198	0.7043
	Uterus	0.0033		0.0000		undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000					
30	Duennndarm	0.0000					
	Prostata-Hyperplasie	0.1011					
	Samenblase	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					
35	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017					
40							
45							
50							
55							

## FOETUS

## %Haeufigkeit

35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0062
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0039
40	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0037
	Niere	0.0000
	Prostata	0.0000
45	Sinnesorgane	0.0000

## NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN

## %Haeufigkeit

50	Brust	0.0000
	Eierstock-Uterus	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0082
55	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0057
	Haut-Muskel	0.0065
	Hoden	0.0078
55	Lunge	0.0082
	Nerven	0.0030
	Prostata	0.0128
	Sinnesorgane	0.0000

## Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 149

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0050	0.0136	0.3679	2.7181
	Blase	0.0078	0.0258	0.3017	3.3143
	Brust	0.0114	0.0225	0.5088	1.9654
	Dickdarm	0.0115	0.0085	1.3456	0.7432
	Duenn darm	0.0192	0.0107	1.8036	0.5545
10	Eierstock	0.0089	0.0095	0.9333	1.0715
	Endokrines_Gewebe	0.0209	0.0337	0.6195	1.6143
	Gehirn	0.0203	0.0170	1.1947	0.8371
	Haut	0.0367	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0186	0.0254	0.7324	1.3653
15	Herz	0.0183	0.0137	1.3291	0.7524
	Hoden	0.0241	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0146	0.0166	0.8770	1.1402
	Magen-Speiserohre	0.0290	0.0128	2.2671	0.4411
	Muskel-Skelett	0.0069	0.0074	0.9278	1.0778
20	Niere	0.0157	0.0048	3.2497	0.3077
	Pankreas	0.0050	0.0221	0.2244	4.4570
	Prostata	0.0217	0.0169	1.2801	0.7812
	T_Lymphom	0.0076	0.0000	undef	0.0000
	Uterus	0.0163	0.0230	0.7068	1.4148
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0267	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0080			
	Penis	0.0161			
	Samenblase	0.0281			
	Sinnesorgane	0.0118			
30					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0111			
35	Gehirn	0.0063			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0107			
40	Lunge	0.0108			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0124			
	Placenta	0.0303			
	Prostata	0.0499			
45	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
50	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0253			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
55	Foetal	0.0070			
	Gastrointestinal	0.0366			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0227			
	Hoden_n	0.0042			
60	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0000			
	Lunge_t	0.0000			
	Nerven	0.0090			
	Niere_t	0.0000			
65	Ovar_Uterus	0.0203			
	Prostata_n	0.0121			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

## Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 150

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Blase	0.0078	0.0117	0.6638	1.5065
	Brust	0.0088	0.0155	0.5693	1.7566
	Dickdarm	0.0211	0.0028	7.4006	0.1351
	Duenn darm	0.0027	0.0000	undef	0.0000
10	Eierstock	0.0119	0.0024	4.9773	0.2009
	Endokrines_Gewebe	0.0032	0.0142	0.2263	4.4181
	Gehirn	0.0035	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0257	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0279	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0071	0.0137	0.5169	1.9347
	Hoden	0.0040	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0292	0.0148	1.9733	0.5068
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0064	0.0000	undef
20	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0269	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0165	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0141	0.0052	2.7132	0.3686
	T_Lymphom	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus	0.0044	0.0000	undef	0.0000
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0040			
	Penis	0.0000			
	Samenblase	0.0070			
30	Sinnesorgane	0.0000			
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
35	Gastrointestinal	0.0056			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
40	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0145			
	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
45	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
50	Brust	0.0000			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0058			
	Gastrointestinal	0.0244			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0130			
60	Hoden_n	0.0000			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0293			
	Lunge_t	0.0000			
	Nerven	0.0020			
65	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0068			
	Prostata_n	0.0243			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

## Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 151

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Blase	0.0000	0.0070	0.0000	undef
	Brust	0.0070	0.0098	0.7157	1.3973
	Dickdarm	0.0038	0.0028	1.3456	0.7432
	Duenn darm	0.0082	0.0107	0.7730	1.2937
10	Eierstock	0.0030	0.0119	0.2489	4.0182
	Endokrines_Gewebe	0.0048	0.0071	0.6790	1.4727
	Gehirn	0.0104	0.0120	0.8704	1.1489
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0046	0.0063	0.7324	1.3653
15	Herz	0.0010	0.0137	0.0738	13.5431
	Hoden	0.0000	0.0118	0.0000	undef
	Lunge	0.0010	0.0055	0.1754	5.7011
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0064	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0086	0.0148	0.5799	1.7246
20	Niere	0.0112	0.0193	0.5803	1.7232
	Pankreas	0.0017	0.0055	0.2992	3.3427
	Prostata	0.0057	0.0117	0.4823	2.0732
	T_Lymphom	0.0000	0.0149	0.0000	undef
	Uterus	0.0015	0.0092	0.1606	6.2251
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0080			
	Penis	0.0027			
	Samenblase	0.0070			
30	Sinnesorgane	0.0235			
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
35	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
40	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0145			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
45	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
50	Brust	0.0000			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0101			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0006			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
60	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden_n	0.0125			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0195			
	Lunge_t	0.0000			
65	Nerven	0.0100			
	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0068			
	Prostata_n	0.0121			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

## Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 152

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0250	0.0136	1.8395	0.5436
	Blase	0.0078	0.0070	1.1063	0.9039
	Brust	0.0097	0.0211	0.4592	2.1776
	Dickdarm	0.0192	0.0057	3.3639	0.2973
	Duennndarm	0.0055	0.0213	0.2577	3.8812
10	Eierstock	0.0178	0.0143	1.2443	0.8036
	Endokrines_Gewebe	0.0048	0.0177	0.2716	3.6818
	Gehirn	0.0191	0.0269	0.7092	1.4100
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0046	0.0063	0.7324	1.3653
15	Herz	0.0233	0.0275	0.8491	1.1777
	Hoden	0.0161	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0156	0.0129	1.2028	0.8314
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0192	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0086	0.0074	1.1597	0.8623
20	Niere	0.0090	0.0096	0.9285	1.0770
	Pankreas	0.0083	0.0387	0.2137	4.6798
	Prostata	0.0057	0.0091	0.6202	1.6125
	T_Lymphom	0.0076	0.0000	undef	0.0000
	Uterus	0.0044	0.0000	undef	0.0000
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0246	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0094			
	Penis	0.0107			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0118			
30					
	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.1253			
35	Gastrointestinal	0.0305			
	Gehirn	0.0938			
	Haematopoetisch	0.0275			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
40	Herz-Blutgefuesse	0.0142			
	Lunge	0.0325			
	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0185			
	Placenta	0.0242			
45	Prostata	0.0249			
	Sinnesorgane	0.1255			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
50	Brust	0.0816			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0354			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0741			
	Gastrointestinal	0.0366			
	Haematopoetisch	0.0000			
60	Haut-Muskel	0.1458			
	Hoden_n	0.0000			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0098			
	Lunge_t	0.0000			
	Nerven	0.0191			
65	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0248			
	Prostata_n	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0155			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

## Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 153

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0000	0.0000	undef	undef
	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0026	0.0141	0.1879	5.3230
	Dickdarm	0.0000	0.0057	0.0000	undef
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Eierstock	0.0000	0.0048	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0010	0.0000	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0063	0.0000	undef
15	Herz	0.0010	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0039	0.0018	2.1049	0.4751
	Magen-Speiserohre	0.0145	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0022	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0009	0.0013	0.7235	1.3821
	T_Lymphom	0.0025	0.0000	undef	0.0000
	Uterus	0.0015	0.0000	undef	0.0000
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000			
	Penis	0.0054			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30					
	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
35	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0071			
40	Lunge	0.0036			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
45	Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
50	Brust	0.0000			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0051			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0257			
	Haut-Muskel	0.0000			
60	Hoden_n	0.0000			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0000			
	Lunge_t	0.0000			
	Nerven	0.0010			
65	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0023			
	Prostata_n	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

## Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 154

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0000	0.0000	undef	undef
	Blase	0.0156	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0079	0.0112	0.7045	1.4195
	Dickdarm	0.0038	0.0000	undef	0.0000
	Duenn darm	0.0027	0.0000	undef	0.0000
10	Eierstock	0.0119	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0016	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0029	0.0060	0.4835	2.0680
	Haut	0.0147	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0093	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0112	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0097	0.0074	1.3155	0.7601
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0051	0.0037	1.3917	0.7186
20	Niere	0.0112	0.0048	2.3212	0.4308
	Pankreas	0.0116	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0057	0.0000	undef	0.0000
	T_Lymphom	0.0025	0.0075	0.3381	2.9576
	Uterus	0.0044	0.0046	0.9638	1.0375
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0048	0.0304	0.1578	6.3369
	Haematopoetisch	0.0027			
	Penis	0.0080			
	Samenblase	0.0070			
30	Sinnesorgane	0.0235			
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
35	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0083			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0260			
40	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0217			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
45	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
50	Brust	0.0000			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0185			
	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
60	Hoden_n	0.0042			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0000			
	Lunge_t	0.0000			
	Nerven	0.0050			
65	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0000			
	Prostata_n	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse Blutkoerperchen	0.0000			



## Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 155

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0075	0.0000	undef	0.0000
	Blase	0.0156	0.0047	3.3190	0.3013
	Brust	0.0035	0.0197	0.1789	5.5892
	Dickdarm	0.0096	0.0085	1.1213	0.8918
	Duennndarm	0.0110	0.0000	undef	0.0000
10	Eierstock	0.0059	0.0048	1.2443	0.8036
	Endokrines_Gewebe	0.0080	0.0124	0.6467	1.5464
	Gehirn	0.0058	0.0010	5.8026	0.1723
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0063	0.0000	undef
15	Herz	0.0122	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0201	0.0118	1.6964	0.5895
	Lunge	0.0010	0.0074	0.1316	7.6015
	Magen-Speiserohre	0.0217	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0051	0.0074	0.6958	1.4371
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0116	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0047	0.0065	0.7235	1.3821
	T_Lymphom	0.0101	0.0075	1.3525	0.7394
	Uterus	0.0044	0.0046	0.9638	1.0375
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0048	0.0304	0.1578	6.3369
	Haematopoetisch	0.0040			
	Penis	0.0134			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30					
	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0278			
35	Gastrointestinal	0.0056			
	Gehirn	0.0063			
	Haematopoetisch	0.0118			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
40	Herz-Blutgefuesse	0.0142			
	Lunge	0.0108			
	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0124			
	Placenta	0.0061			
45	Prostata	0.0499			
	Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
50	Brust	0.0000			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0101			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0185			
	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0194			
60	Hoden_n	0.0125			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0000			
	Lunge_t	0.0000			
	Nerven	0.0141			
65	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0135			
	Prostata_n	0.0121			
	Sinnesorgane	0.0077			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			



## Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 157

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0100	0.0136	0.7358	1.3590
	Blase	0.0000	0.0070	0.0000	undef
	Brust	0.0106	0.0141	0.7515	1.3308
	Dickdarm	0.0057	0.0114	0.5046	1.9818
	Duenn darm	0.0027	0.0000	undef	0.0000
10	Eierstock	0.0208	0.0215	0.9678	1.0333
	Endokrines_Gewebe	0.0193	0.0408	0.4724	2.1170
	Gehirn	0.0087	0.0110	0.7913	1.2638
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0190	0.0000	undef
15	Herz	0.0101	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0361	0.0118	3.0535	0.3275
	Lunge	0.0117	0.0185	0.6315	1.5836
	Magen-Speiserohre	0.0072	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0369	0.0464	21.5570
20	Niere	0.0201	0.0337	0.5969	1.6754
	Pankreas	0.0149	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0132	0.0247	0.5331	1.8758
	T_Lymphom	0.0177	0.0299	0.5917	1.6900
	Uterus	0.0059	0.0046	1.2851	0.7781
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0219	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0094			
	Penis	0.0161			
	Samenblase	0.0070			
	Sinnesorgane	0.0353			
30					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0139			
35	Gastrointestinal	0.0167			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
40	Herz-Blutgefuesse	0.0142			
	Lunge	0.0036			
	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0185			
	Placenta	0.0061			
45	Prostata	0.0249			
	Sinnesorgane	0.0126			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
50	Brust	0.0000			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0203			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0209			
	Gastrointestinal	0.0366			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0972			
60	Hoden_n	0.0251			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0098			
	Lunge_t	0.0000			
	Nerven	0.0151			
	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0450			
	Prostata_n	0.0303			
	Sinnesorgane	0.0310			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

## Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 158

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0075	0.0000	undef	0.0000
	Blase	0.0156	0.0070	2.2127	0.4519
	Brust	0.0088	0.0155	0.5693	1.7566
	Dickdarm	0.0077	0.0057	1.3456	0.7432
	Duennndarm	0.0082	0.0000	undef	0.0000
10	Eierstock	0.0000	0.0024	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0016	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0041	0.0209	0.1934	5.1701
	Haut	0.0147	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0000	0.0190	0.0000	undef
	Herz	0.0041	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0120	0.0118	1.0178	0.9825
	Lunge	0.0146	0.0055	2.6311	0.3801
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0051	0.0148	0.3479	2.8743
20	Niere	0.0045	0.0096	0.4642	2.1540
	Pankreas	0.0017	0.0055	0.2992	3.3427
	Prostata	0.0047	0.0065	0.7235	1.3821
	T_Lymphom	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Uterus	0.0163	0.0276	0.5890	1.6977
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0053			
	Penis	0.0107			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
35	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0063			
	Haematopoetisch	0.0118			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
40	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0124			
	Placenta	0.0061			
45	Prostata	0.0499			
	Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
50	Brust	0.0000			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
55	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0041			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0257			
60	Haut-Muskel	0.0194			
	Hoden_n	0.0000			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0098			
	Lunge_t	0.0000			
65	Nerven	0.0060			
	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0068			
	Prostata_n	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

## Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 159

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0050	0.0407	0.1226	8.1542
	Blase	0.0000	0.0047	0.0000	undef
	Brust	0.0097	0.0098	0.9840	1.0162
	Dickdarm	0.0077	0.0171	0.4485	2.2295
	Duenn darm	0.0055	0.0107	0.5153	1.9406
10	Eierstock	0.0089	0.0072	1.2443	0.8036
	Endokrines_Gewebe	0.0064	0.0106	0.6036	1.6568
	Gehirn	0.0075	0.0090	0.8382	1.1931
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0093	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0080	0.0059	1.3571	0.7369
	Lunge	0.0068	0.0055	1.2278	0.8144
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0064	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0045	0.0096	0.4642	2.1540
	Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0066	0.0013	5.0646	0.1974
	T_Lymphom	0.0101	0.0075	1.3525	0.7394
	Uterus	0.0044	0.0230	0.1928	5.1876
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0041	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0147			
	Penis	0.0027			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30					
	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
35	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0063			
	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
40	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0072			
	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0247			
	Placenta	0.0121			
	Prostata	0.0000			
45	Sinnesorgane	0.0126			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
50	Brust	0.0000			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0203			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0087			
	Gastrointestinal	0.0244			
	Haematopoetisch	0.0257			
	Haut-Muskel	0.0097			
60	Hoden_n	0.0209			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0000			
	Lunge_t	0.0000			
	Nerven	0.0030			
65	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0090			
	Prostata_n	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0774			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

## Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 160

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0000	0.0000	undef	undef
	Blase	0.0078	0.0023	3.3190	0.3013
	Brust	0.0009	0.0084	0.1044	9.5814
	Dickdarm	0.0057	0.0000	undef	0.0000
	Duenn darm	0.0027	0.0107	0.2577	3.8812
10	Eierstock	0.0030	0.0048	0.6222	1.6073
	Endokrines_Gewebe	0.0016	0.0018	0.9054	1.1045
	Gehirn	0.0041	0.0040	1.0155	0.9848
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0186	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0010	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0037	0.4639	2.1557
20	Niere	0.0045	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0017	0.0055	0.2992	3.3427
	Prostata	0.0009	0.0000	undef	0.0000
	T_Lymphom	0.0076	0.0075	1.0143	0.9859
	Uterus	0.0030	0.0000	undef	0.0000
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0041	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0040			
	Penis	0.0080			
	Samenblase	0.0070			
	Sinnesorgane	0.0000			
30					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0111			
35	Gehirn	0.0125			
	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0071			
40	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0121			
	Prostata	0.0000			
45	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
50	Brust	0.0000			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0101			
55	Endokrines_Gewebe	0.0490			
	Foetal	0.0058			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0065			
60	Hoden_n	0.0000			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0000			
	Lunge_t	0.0000			
	Nerven	0.0020			
65	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0045			
	Prostata_n	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

## Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 161

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Blase	0.0078	0.0047	1.6595	0.6026
	Brust	0.0009	0.0084	0.1044	9.5814
	Dickdarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenn darm	0.0000	0.0107	0.0000	undef
10	Eierstock	0.0000	0.0048	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0064	0.0106	0.6036	1.6568
	Gehirn	0.0058	0.0050	1.1605	0.8617
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0190	0.0000	undef
15	Herz	0.0041	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0040	0.0118	0.3393	2.9475
	Lunge	0.0039	0.0018	2.1049	0.4751
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0022	0.0048	0.4642	2.1540
	Pankreas	0.0050	0.0055	0.8975	1.1142
	Prostata	0.0848	0.0651	1.3023	0.7679
	T_Lymphom	0.0076	0.0075	1.0143	0.9859
	Uterus	0.0059	0.0046	1.2851	0.7781
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0041	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0027			
	Penis	0.0027			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0056			
35	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
40	Lunge	0.0036			
	Nebenniere	0.0507			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0121			
	Prostata	0.0000			
45	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
50	Brust	0.0000			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0104			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0097			
60	Hoden_n	0.0084			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0000			
	Lunge_t	0.0000			
	Nerven	0.0050			
65	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0000			
	Prostata_n	0.0546			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			





## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 202

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse	
				N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0792	0.0000	undef
	Brust	0.0040	0.0261	0.1529	6.5404
	Eierstock	0.0091	0.0156	0.5843	1.7114
	Endokrines_Gewebe	0.0036	0.0027	1.3396	0.7465
	Gastrointestinal	0.0174	0.0143	1.2214	0.8187
10	Gehirn	0.0000	0.0044	0.0000	undef
	Haematopoetisch	0.0056	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0199	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0198	0.0647	0.3061	3.2673
	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
15	Hoden	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0224	0.0118	1.8962	0.5274
	Magen-Speiserohre	0.0193	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0178	0.0068	2.6050	0.3839
20	Pankreas	0.0019	0.0331	0.0571	17.5010
	Penis	0.0060	0.0800	0.0749	13.3560
	Prostata	0.0095	0.0064	1.4915	0.6705
	Uterus	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
25	Duennndarm	0.0031			
	Prostata-Hyperplasie	0.0119			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
30					
35					
40					
45					
50					
55					

FOETUS  
%Haeufigkeit

Entwicklung	0.0000
Gastrointestinal	0.0092
Gehirn	0.0063
Haematopoetisch	0.0000
Herz-Blutgefuesse	0.0000
Lunge	0.0259
Niere	0.0062
Prostata	0.0000
Sinnesorgane	0.0000

NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN  
%Haeufigkeit

Brust	0.0000
Eierstock-Uterus	0.0068
Endokrines_Gewebe	0.0000
Foetal	0.0274
Gastrointestinal	0.0122
Haematopoetisch	0.0000
Haut-Muskel	0.0000
Hoden	0.0000
Lunge	0.0410
Nerven	0.0000
Prostata	0.0064
Sinnesorgane	0.0000

## 2.2 Fisher-Test

Um zu entscheiden, ob eine Partial-Sequenz  $S$  eines Gens in einer Bibliothek für Normal-Gewebe signifikant häufiger oder seltener vorkommt als in einer Bibliothek für entartetes Gewebe, wird Fishers Exakter Test, ein statistisches Standardverfahren (Hays, W. L., (1991) Statistics, Harcourt Brace College Publishers, Fort Worth), durchgeführt.

Die Null-Hypothese lautet: die beiden Bibliotheken können bezüglich der Häufigkeit zu  $S$  homologer Sequenzen nicht unterschieden werden. Falls die Null-Hypothese mit hinreichend hoher Sicherheit abgelehnt werden kann, wird das zu  $S$  gehörende Gen als interessanter Kandidat für ein Krebs-Gen akzeptiert, und es wird im nächsten Schritt versucht, eine Verlängerung seiner Sequenz zu erreichen.

### 15 Beispiel 3

#### Automatische Verlängerung der Partial-Sequenz

Die automatische Verlängerung der Partial-Sequenz  $S$  vollzieht sich in drei Schritten:

1. Ermittlung aller zu  $S$  homologen Sequenzen aus der Gesamtmenge der zur Verfügung stehenden Sequenzen mit Hilfe von BLAST
- 25 2. Assemblierung dieser Sequenzen mittels des Standardprogramms GAP4 (Bonfield, J. K., Smith, K. F., und Staden R. (1995), Nucleic Acids Research 23 4992-4999) (Contig-Bildung).
- 30 3. Berechnung einer Konsens-Sequenz  $C$  aus den assemblierten Sequenzen

Die Konsens-Sequenz  $C$  wird im allgemeinen länger sein als die Ausgangssequenz  $S$ . Ihr elektronischer Northern-Blot wird demzufolge von dem für  $S$  abweichen. Ein erneuter Fisher-Test entscheidet, ob die Alternativ-Hypothese der Abweichung von einer gleichmäßigen Expression in beiden Bibliotheken aufrechterhalten werden kann. Ist dies der Fall, wird versucht,  $C$  in gleicher Weise wie  $S$  zu verlängern. Diese Iteration wird mit der jeweils erhaltenen Konsensus-Sequenzen  $C_i$  ( $i$ : Index der Iteration) fortgesetzt, bis die Alternativ-Hypothese verworfen wird (if  $H_0$  Exit; Abbruchkriterium I) oder bis keine automatische Verlängerung mehr möglich ist (while  $C_i > C_{i-1}$ ; Abbruchkriterium II).

Im Fall des Abbruchkriteriums II bekommt man mit der nach der letzten Iteration vorliegenden Konsens-Sequenz eine komplette oder annähernd komplette Sequenz eines Gens, das mit hoher statistischer Sicherheit mit Krebs in Zusammenhang gebracht werden kann.

Analog der oben beschriebenen Beispiele konnten die in der Tabelle I beschriebenen Nukleinsäure-Sequenzen aus Brusttumorgewebe gefunden werden. Ferner konnten zu den einzelnen Nukleinsäure-Sequenzen die Peptidsequenzen (ORF's) bestimmt werden, die in der Tabelle II aufgelistet sind, wobei wenigen

- 5 Nukleinsäure-Sequenzen kein Peptid zugeordnet werden kann und einigen Nukleinsäure-Sequenzen mehr als ein Peptid zugeordnet werden kann. Wie bereits oben erwähnt, sind sowohl die ermittelten Nukleinsäure-Sequenzen, als auch die den Nukleinsäure-Sequenzen zugeordneten Peptid-Sequenzen Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

#### Beispiel 4

##### Kartierung der Nukleinsäure-Sequenzen auf dem humanen Genom

- 10 Die Kartierung der humanen Gene erfolgte unter Verwendung des Stanford G3 Hybrid-Panels (Stewart et al., 1997), der von Research Genetics, Huntsville, Alabama vertrieben wird. Dieses Panel besteht aus 83 verschiedenen genomischen DNAs von Mensch-Hamster Hybridzelllinien und erlaubt eine Auflösung von 500 Kilobasen. Die
- 15 Hybridzelllinien wurden durch Fusion von bestrahlten diploiden menschlichen Zellen mit Zellen des Chinesischen Hamsters gewonnen. Das Rückhaltemuster der humanen Chromosomenfragmente wird mittels genspezifischer Primer in einer Polymerase-Kettenreaktion bestimmt und mit Hilfe der vom Stanford RH Server verfügbaren Software analysiert ([http://www.stanford.edu/RH/rhserver\\_form2.html](http://www.stanford.edu/RH/rhserver_form2.html)). Dieses
- 20 Programm bestimmt den STS-Marker, der am nächsten zum gesuchten Gen liegt. Die entsprechende zytogenetische Bande wurde unter Verwendung des "Mapview" - Programms der Genome Database (GDB), (<http://gdbwww.dkfz-heidelberg.de>) bestimmt.
- 25 Neben dem kartieren von Genen auf dem menschlichen Chromosomensatz durch verschiedene experimentelle Methoden ist es möglich die Lage von Genen auf diesem durch bioinformatische Methoden zu bestimmen. Dazu wurde das bekannte Programm e-PCR eingesetzt (Schuler GD (1998) Electronic PCR: bridging the gap between genome mapping and genome sequencing. Trends Biotechnol 16; 456-459, Schuler GD (1997). Sequence mapping by electronic PCR. Genome Res 7; 541-550). Die dabei
- 30 eingesetzte Datenbank entspricht nicht mehr der in der Literatur angegebenen, sondern ist eine Weiterentwicklung, welche Daten der öffentlichen Datenbank RHdb (<http://www.ebi.ac.uk/RHdb/index.html>) einschließt. Analog zu der Kartierung durch die Hybrid-Panels erfolgte eine Auswertung der Ergebnisse mit der obengenannten Software und der Software des Whitehead-Institutes (<http://carbon.wi.mit.edu:8000/cgi-bin/contig/rhmapper.pl>).
- 35

##### 40 Beispiel 5: Gewinnung von genomischen DNA-Sequenzen (BAC-Klonen)

- Die den differentiellen cDNAs entsprechenden genomischen Sequenzen wurden aus kommerziellen BAC-Bibliotheken isoliert. Verwendet wurden BAC-Bibliotheken von der
- 45 Firma Genome Systems, St. Louis MO, die aus humanen Lymphozyten hergestellt wurden (<http://www.genomesystems.com>) und solche der Firma Research Genetics, die wie folgt beschrieben wurden: Shizuya, H., B. Birren, U.-J. Kim, V. Mancino, T. Slepak, Y. Tachiiri, M. Simon (1992) Proc. Natl. Acad. Sci., USA 89: 8794-8797; <http://www.tree.caltech.edu/>. Aus diesen Bibliotheken wurden die BAC-Klone mit der
- 50 Prozedur des "down-to-the-well" isoliert. Bei diesem Verfahren wird eine Bibliothek bestehend aus BAC-Klonen (die Bibliothek überdeckt ca. 3 x das humane Genom) in

- verschiedene Gruppen (pools) kombiniert. Dies geschieht in einer solchen Weise, daß nach der Durchführung einer genspezifischen PCR in den verschiedenen Pools eine eindeutige Klon-Zuordnung möglich ist. Diese Adresse zusammen mit dem Namen der verwendeten Bibliothek legen die Klone und damit die DNA-Sequenz dieser Klone eindeutig fest.

Die nachfolgenden Beispiele erläutern die erfolgreiche Isolierung der genomischen BAC-Klone ohne diese darauf zu beschränken.

- Die verwendeten Bibliotheken von Genome Systems waren CITB B und CITB C. Klone aus der Bibliothek von Genome Systems sind unterstrichen.

#### Brust Tumor

Seq. ID Nr.	Identifizierte BACs					
3	431/F/22	461/J/18	276/D/4	360/G/5	276/D/5	
7	241/D/11					
9	<u>13/M/23</u>	<u>102/H/20</u>	<u>210/O/17</u>	<u>278/B/10</u>	<u>278/B/20</u>	
10	319/P/11	492/J/15				
23	565/E/8					
25	<u>38/D/4</u>	<u>60/B/17</u>	<u>70/K/14</u>			
39	425/C/18					
42	221/L/9	407/M/9				
43	233/F/11	411/C/6	411/C/8	461/C/20		
45	557/D/15					
58	222/C/8	431/O/16				

TABELLE I

Seq. ID Nr.	Expression	Funktion	Modul	Länge der angemeldeten Sequenz (bp)	Chromosomale Lokalisation	Marker
2	im Brusttumor überexprimiert	Ein 17-kDA Interferon-induziertes Gen über dessen Funktion nichts publiziert ist.	2x "UBIQUITIN_2"	670	1p36.31-p36.32	siSG29288 (D1S243- D1S468)
3	im Brusttumor überexprimiert	Vermutlich das humane Ortholog des 5E5-Antigens der Ratte, hierbei handelt es sich wahrscheinlich um einen Transkriptionsfaktor.		1845	19q13.2	SHGC- 11892 (SHGC- 5919- D19S1071)
4	im Brusttumor überexprimiert	Das humane "alpha-2-macroglobulin receptor-associated protein" gehört zu einem "Proteinase-Scavenging-System", das Proteinase-Aktivität abfängt.		1499	4p16.3	D4S412- D4S2925
5	im Brusttumor überexprimiert	Das humane "macrophage migration inhibition factor related protein 14 (MRP-14)" spielt wahrscheinlich eine Rolle bei der Immunmodulation.	"EF_HAND_2"	688	1q21.2-q21.3	WI-6071 (D1S305- D1S635)
6	im Brusttumor überexprimiert	Das humane Lamin B2 (LAMB2) bildet u.a. die nukleäre Lamina, welche unterhalb der inneren Zellmembran des Zellkerns liegt. Sie spielt eine wichtige Rolle bei der Regulation der Kernstruktur während des Zellzyklus und der Transkription.		909	19p13.3	D19S886- D19S216

S q. ID Nr.	Expression	Funktion	Modul	Länge der angemeldeten Sequenz (bp)	Chromosomale Lokalisation	Marker
7	im Brusttumor überexprimiert	Vermutlich die regulatorische Untereinheit eines RNA- bindenden Proteins, über dessen Funktion noch nichts publiziert wurde.		930	1p36.23-p36.31	D1S253- D1S450
8	im Brusttumor überexprimiert	Das humane Antioxidant Enzym AOE37-2, welches vermutlich eine Peroxidase darstellt (Peroxiredoxin- Familie). Diese schützen die Zelle vor oxidativen Prozessen.	"AhpC-TSA"	989	unbekannt	unbekannt
9	im Brusttumor überexprimiert	unbekannt		2017	8p12-p11.23	AFM023xc1 alias D8S255 (WI-7590- SHGC- 5722)
11	im Brusttumor überexprimiert	Das humane "macrophage capping protein", neuerdings "CapG" genannt, reguliert über die Aktine die Zellbeweglichkeit.	"Gelsolin"	1365	2p11.2-2p12	D2S289- D2S388
12	im Brusttumor überexprimiert	Ein Östrogen-induzierbares Gen (LIV-1), dessen Funktion noch nicht verstanden ist.		1597	18q12.2-q12.3	WI-14709
13	im Brusttumor überexprimiert	Die humane "integrin-linked kinase (ILK)" steuert den Zusammenbau der Fibrinectin-Matrix und hemmt die Synthese von E-Cadherin. ILK- überexprimierende Zellen erzeugen Tumoren in Nacktmäusen.	3x "ank"; 2x "pkinase"	1780	11p15.3-15.5	D11S1318- D11S1338

S q. ID Nr.	Expression	Funktion	Modul	Länge der angemeldeten Sequenz (bp)	Chromosomale Lokalisation	Marker
14	im Brusttumor überexprimiert	unbekannt, humanes HISTONE H2B2	"histone" ; "Arch_histone"	892	6p21.2-p22.3	D6276- D6S439
15	im Brusttumor überexprimiert	Vermutlich das humane Ortholog des Enhancers des Drosophila "rudimentary"-Gens ("human enhancer of rudimentary homolog"); es spielt möglicherweise eine Rolle im Pyrimidin-Stoffwechsel.	"ER"	992	14q22.3-q24.1	D14S63- D14S251 (SHGC- 33845- SHGC- 36869)
16	im Brusttumor überexprimiert	Das humane Tim23 ist im Proteintranslokase-Komplex der inneren mitochondrialen Membran lokalisiert.		1196	10p15.1-q11.23	stSG1413 ;D10S604- D10S220
17	im Brusttumor überexprimiert	Vermutlich ein neues Ca2+-bindendes Protein.	"S_100"	1105	unbekannt	unbekannt
18	im Brusttumor überexprimiert	Ein neues humanes Gen mit Ähnlichkeit zu Maus "synaptosomal associated protein".		2006	7p12.1	D7S499- D7S2429
19	im Brusttumor überexprimiert	Das humane ITF ("intestinal trefoil factor").	"trefoil"	834	21q22.3	D21S1887 (D21S1259- D21S1260)
20	im Brusttumor überexprimiert	Der humane RNA polymerase II Transkriptionsfaktor.	"UBIQUITIN_2"	765	unbekannt	unbekannt
21	im Brusttumor überexprimiert	unbekannt		779	unbekannt	unbekannt
22	im Brusttumor überexprimiert	Die humane JAK1 Tyrosinkinase.	"pkinase"	2327	1p31.1-p32.1	T29761 (D1S203- D1S2865)

Seq. ID Nr.	Expression	Funktion	Modul	Länge der angemeldeten Sequenz (bp)	Chromosomale Lokalisation	Marker
23	im Brusttumor überexprimiert	unbekannt		911	4p11	SHGC4-959 (D4S774- SHGC4- 1002)
24	im Brusttumor überexprimiert	unbekannt		595	unbekannt	unbekannt
25	im Brusttumor überexprimiert	unbekannt		886	18q23	SHGC- 30832 (SHGC- 32075- SHGC- 17251)
27	im Brusttumor überexprimiert	unbekannt		1684	21q21.3-q22.12	A006Y36 (D21S260- D21S261)
29	im Brusttumor überexprimiert	Das humane Ribonuklease 6- Vorläufer-Molekül.	"ribonuclease_T2"	1249	6q26-q27	D6S264- D6S1697
30	im Brusttumor überexprimiert	Das humane 80K-L Protein (auch MARCKS) , ein Substrat der Protein-Kinase C. MARCKS bindet Calmodulin, Actin und Synapsin.		3070	6q21	SHGC- 13147 (SHGC- 31123- AFM059xh8 )
31	im Brusttumor überexprimiert	Das humane BCL-X, ein Apoptosis- Regulator.		2751	1p21.1	SHGC- 32538; D1S2865- D1S418



Seq. ID Nr.	Expression	Funktion	Modul	Länge der angemeldeten Sequenz (bp)	Chromosomale Lokalisation	Marker
33	im Brusttumor überexprimiert	Der humane Benzodiazepin-Rezeptor.		890	22q13.33	PC106 (SHGC- 7735- PH130)
35	im Brusttumor überexprimiert	Die humane Ubiquitin Oxidoreduktase.		693	5p13.1-q11.2	sts-H45672 (D5S628- D5S474)
36	im Brusttumor überexprimiert	Eine neue ATPase, welche zur Familie der Kinesine gehört.		1054	unbekannt	unbekannt
37	im Brusttumor überexprimiert	Der Monocyte/Macrophagen "Ig- related receptor MIR-7".		541	12q14.2-q14.3	SHGC- 33073 (SHGC- 35867- D12S1722)
38	im Brusttumor überexprimiert	unbekannt		1187	unbekannt	unbekannt
39	im Brusttumor überexprimiert	Eine neue putative Serin- /Threoninkinase.	"pkinase"; "pkinase_C"	2281	6q22.33	WI-13202
40	im Brusttumor überexprimiert	Das putative Kupfer-Aufnahme Protein hCTR2.		1759	9q31.3-q32	WI-11879
41	im Brusttumor überexprimiert	Die humane Alpha Galaktosidase A.		1447	Xq22.2-q23	DXS1231- DXS1059
42	im Brusttumor überexprimiert	unbekannt		831	1q32.1-1q32.2	AFMa082wf 9 (SHGC- 12033- AFM224xc1 )

Seq. ID Nr.	Expression	Funktion	Modul	Länge der angemeldeten Sequenz (bp)	Chromosomale Lokalisation	Marker
43	im Brusttumor überexprimiert	Diese neue Sequenz hat eine gewisse Homologie zur Benzoat-Coenzym A Ligase.		528	17q21.33	SHGC-31935 (NIB1385-SHGC-30378)
44	im Brusttumor überexprimiert	7TM-Protein		1027	22q13.33	AFMb040xd1 (SHGC-11380-AFMa151xe9)
45	im Brusttumor überexprimiert	Die humane Phosphatase 2A B56 (PP2A).		2160	1q32.2-q32.3	WI-7329 (AFM203zb6-AFM156xg7)
46	im Brusttumor überexprimiert	HUMANES Homologes zu einem Maus co-Chaperonin; Hs.24930; Homo sapiens cofactor A protein mRNA		642	unbekannt	unbekannt
47	im Brusttumor überexprimiert	Homolog zu einem imprinted Gen von Chromosom 11; Hs.110222		1415	1q32.1	sts-F17262 (D1S2622-D1S306)
48	im Brusttumor überexprimiert	Vermutlich das humane Ortholog einer ATP-abhängigen RNA-Helicase.	"HELICASE"	2949	10q26.11	AFM200yh6 (SHGC-13473-AFMb021zd1)
49	im Brusttumor überexprimiert	Kopplungsfaktor F6 ist eine Komponente der mitochondrialen ATP-Synthase, welcher für die Interaktion des katalytischen und protonenübertragenden Segments erforderlich ist; Hs.73851		665	unbekannt	unbekannt

Seq. ID Nr.	Expression	Funktion	Modul	Länge der angemeldeten Sequenz (bp)	Chromosomale Lokalisation	Marker
50	im Brusttumor überexprimiert	unbekannt		904	5p15.31-15.33	D5S426- D5S455
51	im Brusttumor überexprimiert	neue humane ATPase		1239	9q32	ATC7 (SHGC- 8827- SHGC- 14379)
52	im Brusttumor überexprimiert	unbekannt; Hs.10927		966	19p13.3-p13.2	stSG8216 (pTEL- D19S413)
53	im Brusttumor überexprimiert	Homologes zum NAG-2 Gen; Hs.26518	"transmembrane4"	556	11p15.3-p15.5	sts-W47645 (D11S1318- D11S909)
54	im Brusttumor überexprimiert	Arginin Methyltransferase; Hs.20521	"SAM_BIND"	1349	19q13.13- q13.33	D66904 (D19S425- D19S418)
55	im Brusttumor überexprimiert	unbekannt; Hs.5241		2021	17q11.2-17q12	sts-F18808 (D17S933- D17S800)
56	im Brusttumor überexprimiert	Stromelysin	"hemopexin"	900	22q11.23-q12.1	D22S446- D22S419 (SHGC- 2886- SHGC- 33862)

S q. ID Nr.	Expression	Funktion	Modul	Länge der angemeldeten Sequenz (bp)	Chromosomale Lokalisation	Marker
57	im Brusttumor überexprimiert	humanes GTP bindendes Protein		1212	Yp11.3 bzw. Xp22.33- xp22.32	SHGC-5419 alias DXYS153 (DYS290- DXYS136)
58	im Brusttumor überexprimiert	Homologes zu Prostata bindendem Protein, Untereinheit C-1	"Uteroglobin"	494	11p11.2-q13.1	GATA8A08- SHGC- 31731
59	im Brusttumor überexprimiert	unbekannt	"Ribosomal_L21p"	729	12q14.1	D12S335
61	im Brusttumor überexprimiert	Glucose-6-phosphate dehydrogenase Homolog	2x "IMPDH"	1315	14q11.1-q11.2	SHGC-11217 (SHGC- 31972- AFM084ya1)
62	im Brusttumor überexprimiert	unbekannt	"NLS_BP"	2011	16q12.1	SHGC- 34581 (D16S3363 E- D16S3334)
63	im Brusttumor überexprimiert	unbekannt		2009	1p21.1	SHGC- 32788
64	im Brusttumor überexprimiert	Ets Transkriptionsfaktor	"Ets"	2269	1q32.2	unbekannt
65	im Brusttumor überexprimiert	IL 13 Rezeptor alpha-1 Kette		1874	Xq23	SHGC- 37555

Seq. ID Nr.	Expression	Funktion	Modul	Länge der angemeldeten Sequenz (bp)	Chromosomale Lokalisation	Marker
66	im Brusttumor überexprimiert	Inhibition der Zellteilung und der Makrophagen Aktivität. Protein- Kinasen Inhibitor		687	1q21.2-q21.3	D1S305- D1S2635
67	im Brusttumor überexprimiert	möglicherweise eine Dehydrogenase		1528	unbekannt	unbekannt
149	im Brusttumor überexprimiert	Verlängerung zu Seq. ID Nr. 4		1624	4p16.3	D4S412- D4S2925
150	im Brusttumor überexprimiert	Verlängerung zu Seq. ID Nr. 9		1756	8p12-p11.23	AFM023xc1 alias D8S255 (WI-7590- SHGC- 5722)
151	im Brusttumor überexprimiert	Verlängerung zu Seq. ID Nr. 25		1638	18q23	SHGC- 30832 (SHGC- 32075- SHGC- 17251)
152	im Brusttumor überexprimiert	Verlängerung zu Seq. ID Nr. 27		2589	21q21.3-q22.12	A006Y36 (D21S260- D21S261)

Seq. ID Nr.	Expression	Funktion	Modul	Länge der angemeldeten Sequenz (bp)	Chromosomale Lokalisation	Marker
153	im Brusttumor überexprimiert	Verlängerung zu Seq. ID Nr. 44		2963	22q13.33	AFMb040xd 1(SHGC- 11380- AFMa151xe 9)
154	im Brusttumor überexprimiert	Verlängerung zu Seq. ID Nr. 45		3234	1q32.2-q32.3	WI-7329 (AFM203zb 6- AFM156xg7 )
155	im Brusttumor überexprimiert	Verlängerung zu Seq. ID Nr. 48		3080	10q26.11	AFM200yh6 (SHGC- 13473- AFMb021zd 1)
156	im Brusttumor überexprimiert	Verlängerung zu Seq. ID Nr. 50		2407	5p15.31-15.33	D5S426- D5S455
157	im Brusttumor überexprimiert	Verlängerung zu Seq. ID Nr. 51		1625	9q32	ATC7 (SHGC- 8827- SHGC- 14379)

Seq. ID Nr.	Expression	Funktion	Modul	Länge der angemeldeten Sequenz (bp)	Chromosomale Lokalisation	Marker
158	im Brusttumor überexprimiert	Verlängerung zu Seq. ID Nr. 53		1402	11p15.3-p15.5	sis-W47645 (D11S1318-D11S909)
159	im Brusttumor überexprimiert	Verlängerung zu Seq. ID Nr. 62		2159	16q12.1	SHGC-34581 (D16S3363 E-D16S3334)
160	im Brusttumor überexprimiert	Verlängerung zu Seq. ID Nr. 63		2795	1p21.1	SHGC-32788
161	im Brusttumor überexprimiert	Verlängerung zu Seq. ID Nr. 67		1711	unbekannt	unbekannt
201	im Brusttumor überexprimiert	Das humane Osteopontin.	"Osteopontin"	1712	4q21.23-q22.1	D4S1542
202	im Brusttumor überexprimiert	Proteoglycan		1610	2p23.1-23.2	D2S387 (D2S171-D2S320)

TABELLE II

DNA-Sequenz Seq. ID. No.	Peptid-Sequenz (ORF's) ID. No	Seq.
3	71	
9	72 73 74 75	76
14	77	
16	78	
17	79	
18	81	
19	82	
20	83	
21	84 85 86 87	
23	88 89	
24	90	
25	91	
27	92 93	
29	94	
31	95 96 97 98	
33	99 100	
35	101	
36	102	
38	103	
39	104	
40	105	
41	106	
42	107	
43	108 109 110	
44	111 112 113	
46	114	
47	115 116	
48	117	
49	118 119	
50	120	
51	121	
52	123	
53	126	
54	128	
55	129 130 131 132	133
56	134 135	
57	136	
58	137	
59	138 139	
61	140	
62	141	
63	142 143 144	
64	145	
66	146	
67	147	
149	162 163 164	



DNA-Sequenz Seq. ID. No.	Peptid-Sequenz (ORF's) ID. No	Seq.
150	165 166 167	
151	168	
152	172	
153	174	
154	177 178 179	
155	180	
156	183 184 185	
157	187	
158	190	
159	192 193 194	
160	195 196 197	
161	198	

Die erfinderischen Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No 2-67, 149-161, 201-202 der ermittelten Kandidatengene und die ermittelten Aminosäure-Sequenzen Seq. ID No 71-148, 162-200 werden in dem nachfolgenden Sequenzprotokoll beschrieben.

### Sequenzprotokoll

#### (1) ALLGEMEINE INFORMATION:

##### (i) ANMELDER:

- (A) NAME: metaGen - Gesellschaft für Genomforschung mbH
- (B) STRASSE: Ihnestrasse 63
- (C) STADT: Berlin
- (E) LAND: Deutschland
- (F) POST CODE (ZIP): D-14195
- (G) TELEFON: (030)-8413 1672
- (H) TELEFAX: (030)-8413 1671

- (ii) TITEL DER ERFINDUNG: Menschliche Nukleinsäure-Sequenzen aus Brusttumorgewebe

- (iii) Anzahl der Sequenzen: 143

##### (iv) COMPUTER READABLE FORM:

- (A) MEDIUM TYPE: Floppy disk
- (B) COMPUTER: IBM PC compatible
- (C) OPERATING SYSTEM: PC-DOS/MS-DOS
- (D) SOFTWARE: PatentIn Release #1.0, Version #1.25 (EPO)

#### (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 2:

##### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 670 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- (iii) ANTI-SENSE: NEIN

##### (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

##### (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:2 :

```

atagggccgg tgcctgcctgc ggaagccggc ggctgagagg cagcgaactc atctttgcc 60
gtacaggagc tcgtgccgtg gccacagcc cacagcccac agccatgggc tgggacctga 120
cgggtgaagat gctggcgggc aacgaattcc aggtgtccct gagcagctcc atgtcgggtgt 180
cagagctgaa ggcgcagatc acccagaaga tcggcgtgca cgccttccag cagcgtctgg 240
ctgtccaccc gagcgggtgtg gcgctgcagg acaggggtccc ccttgccagc cagggcctgg 300
gccccggcag cacggtcctg ctgggtggtgg acaaatgcga cgaacctctg agcatcctgg 360
tgaggaataa caaggccgc agcagcacct acgaggtgcg gctgacgcag accgtggccc 420
acctgaagca gcaagtgagc gggctggagg gtgtgcagga cgacctgttc tggctgacct 480
tcgaggggaa gccctggag gaccagctcc cgctggggga gtacggcctc aagcccctga 540
gcaccgtgtt catgaatctg cgctgcggg gaggcggcac agagcctggc gggcggagct 600
aagggcctcc accagcatcc gagcaggatc aagggccgga aataaaggct gttgtaaa 660
gaaaaaaaaa

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 3 :

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1845 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 3:

```

ggtgccgtca cgggacagag cagtcggtga caggacagag cagtcggtga cgggacacag 60
tggttggtga cgggacagag cggtcggtga cagcctcaag ggcttcagca ccgcgcccac 120
ggcagagcca gaccgactca gattcagact ctgaggagg agccgctggg ggagaagcag 180
acatggactt cctgcggaac ttattctccc agacgctcag cctgggcagc cagaaggagc 240
gtctgctgga cgagctgacc ttggaagggg tggcccggt catgcagagc gaacgctgtc 300
gcagagtcac ctgtttggtg ggagctggaa tctccacatc cgcaggcatc cccgactttc 360
gctctccatc caccggcctc tatgacaacc tagagaagta ccattctccc taccagagg 420
ccatctttga gatcagctat ttcaagaaac atccggaacc cttcttcgcc ctgcgaagg 480
aactctatcc tgggcagttc aagccaacca tctgtcacta cttcatgcgc ctgctgaagg 540
acaaggggct actcctgcgc tgctacacgc agaacataga taccctggag cgaatagccg 600
ggctggaaca ggaggacttg gtggaggcgc acggcacctt ctacacatca cactgcgtca 660

```

```

ggccaagtgc cggcacgaat acccgctaag ctggatgaaa gagaagatct tctctgaggt 720
gacgccaag tgtgaagact gtcagagcct ggtgaagcct gatatcgtct tttttggtga 780
gagcctccca gcgcgtttct tctcctgtrt gcagtcagac ttcctgaagg tggacctcct 840
cctggtcatt ggtacctcct tgcaggtgca gccctttgcc tccctcatca gcaaggcacc 900
cctctccacc cctcgccctgc tcatcaacaa ggagaaaagct ggccagtcgg accctttcct 960
ggggatgatt atgggcctcg gagggagcat ggactttgac tccaagaagg cctacagggal1020
cgtggcctgg ctgggtgaat gcgaccaggg ctgcctggcc ctgctgagc tccttgatg1080
gaagaaggag ctggaggacc ttgtccggag ggagcacgcc agcatagatg cccagtcggg1140
ggcgggggtc cccaacccca gcacttcagc ttcccccaag aagtccccgc cacctgccaa1200
ggacgaggcc aggacaacag agagggagaa accccagtga cagctgcac tcccaggcgg1260
gatgccgagc tcctcaggga cagctgagcc ccaaccgggc ctggccccc cttaccagc1320
agttcttgct tggggagctc agaacatccc ccaatctctt acagctccc cccaaaact1380
ggggctccag caaccctggc cccaacccc agcaaactc taacacctc tagaggccaal1440
ggcttaaaca ggcatctcta ccagccccac tgtctctaac cactcctggg ctaaggagta1500
acctccctca tctctaactg cccccacggg gccagggcta cccagaact tttactctt1560
ccaggacagg gagcttcggg cccccactct gtctcctgcc cccggggggc tgtggctaag1620
taaaccatac ctaacctacc ccagtgtggg tgtgggcctc tgaatctaac ccacaccag1680
cgtaggggga gtctgagccg ggagggctcc cgagtctctg ccttcagctc ccaaagtggg1740
tgggtggggc ccttcacgtg ggacccactt cccatgctgg atgggcagaa gacattgctt1800
attggagaca aattaaaaac aaaaacaact aacaaaaaaa aaaaa 1845

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 4:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1499 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

## (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

## (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 4:

```

cggtctgagg gcgcccgga gggtcaggtc gtttctgcgc gggtcccg cgtctgtact 60
gctgctgtc ttcctcgggc cctggccgc tgcgagccac ggcggaagt actcgcggga 120
gaagaaccag cccaagccgt ccccgaaacg cgagtcggga gaggagttcc gcatggagaa 180
gttgaaccag ctgtgggaga aggccagcg actgcatctt cctcccgtga ggctggccga 240
gtccacgct gatctgaaga tacaggagag ggacgaactc gcctggaaga aactaaagct 300
tgacggcttg gacgaagatg ggagaaagga agcgagactc atacgcaacc tcaatgtcat 360
cttggccaag tatggtctgg acggaagaa ggacgctcgg caggtgacca gcaactccct 420

```

```

cagtggcacc caggaagacg ggctggatga cccaggctg gaaaagctgt ggcacaaggc 480
gaagacctct gggaaattct ccggcgaaga actggacaag ctctggcggg agttcctgca 540
tcacaaagag aaagttcacg agtacaacgt cctgctggag accctgagca ggaccgaaga 600
aatccacgag aacgtcatta gccctcggg cctgagcgac atcaaggga cgcctcctgca 660
cagcaggcac acggagctga aggagaagct gcgcagattc aaccagggcc tggaccgcct 720
gcgcagggtc agccaccagg gctacagcac tgaggctgag ttcgaggagc ccagggtgat 780
tgacctgtgg gacctggcgc agtccgcaa cctcacggac aaggagctgg aggcgttccg 840
ggaggagctc aagcacttcg aagccaaaat cgagaagcac aaccactacc agaagcagct 900
ggagattgag cacgagaagc tgaggcacgc agagagcgtg ggcgacggcg agcgtgtgag 960
ccgcagccgc gagaagcacg ccctgctgga gggcgggacc aaggagctgg gctacacggg 1020
gaagaagcat ctgcaggacc tgtccggcag gatctccaga gctcggcaca acgaactctg 1080
aaggcattgg ggagcccagc ccggcaggga agaggccagc gtgaaggacc tgggctcttg 1140
gccgtggcat ttccgtggac agcccgcgt cagggtggct ggggctggca cgggtgtcga 1200
ggcaggaagg attgtttctg gtgactgcag ccgctgccgt cgcgacacag ggcttgggtg 1260
tggtagcatt tgggtctgag atcggcccag ctctgactga aggggcttgg cttccactca 1320
gcatcagcgt ggcagtcacc accccagtga ggacctcgat gtccagctgc tgcaggtct 1380
gatagtcctc tgctaaaaca acacgattta cataaaaaat cttacacatc tgccaccgga 1440
aataccatgc acagagtcct taaaaaatag agtgagctat ttaaaccaaa aaaaaaaaa 1499

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 5 :

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 688 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

## (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

## (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 5 :

```

gggccaaagtg cccagtcag gagctgccta taaatgccga gcctgcacag ctctggcaaa 60
cactctgtgg ggctcctcgg ctttgacaga gtgcaagacg atgacttgca aaatgtcgca 120
gctggaacgc aacatagaga ccatcatcaa caccctccac caatactctg tgaagctggg 180
gcacccagac accctgaacc agggggaatt caaagagctg gtgcgaaaag atctgcaaaa 240
ttttctcaag aaggagaata agaatgaaaa ggtcatagaa cacatcatgg aggacctgga 300
cacaatgca gacaagcagc tgagcttcga ggagttcatc atgctgatgg cgaggctaac 360
ctgggcctcc cagcagaaga tgacgaggg cctggccacc accataagcc 420
aggcctcggg gagggcacc cctaagacca cagtggccaa gatcacagt ggcacggcca 480
cggccacagt catggtggcc acggccacag ccactaatca ggaggccagg ccaccctgcc 540

```

```
tctacccaac cagggccccc gggcctgtta tgtcaaaactg tcttggctgt ggggctaggg 600
gctggggcca aataaagtct cttcctccaa gtcagtgtc tgtgtgcttc ttccagctcc 660
tgttcaacac tgcctttcca ggggtgtg 688
```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 6:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 909 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

## (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

## (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:6 :

```
tctgagccgca ttcgaccaga agtcggcgca cgcggcctcg gtccgggtga ctttgcggac 60
catggaggggc ggcttcggct ccgatttcgg gggctccggc agcgggaagc tggacccagg 120
gctcataatg gagcaggtga aagtgcagat cgccgtggcc aacgcgcagg agctgctgca 180
gaggatgacg gacaagtgtt tccggaagtg tatagggaaa cctgggggct ccctggacaa 240
ctccgagcag aagtgcacatg ccatgtgcat ggaccgctac atggacgcct ggaacaccgt 300
gtctcgcgcc tacaactcgc ggctgcagcg ggaacgagcc aacatgtgac cggcgagcgc 360
gggccacccc accctgttca ttccataaa cgtgctttga gaggcggggt ccgcatgtac 420
gtactgcctg cccgggggctt aggagggtgg caccgggtgct gggacacacg ggactgtgtc 480
ctcgccaccc cccgccctgc cccctgccag ccagtgcagc ttggatctcg ggggtgtggg 540
gccctgtgcc ttectgaagt gctggcagcc cagtggcacc tccttcaggc ctttggggta 600
ttccctagt gtgcccaagt cagcctcata ttctgggcgg acagcttgct tggacttcgg 660
agttgggggt ggtcagacac cacaggagct gtcacctcct gcggatgggc aaataaattg 720
gtggaggacg gaaagaaacc tctttatttc cctcctgagg ggtctctctc tgggaagagg 780
tgacgcgtgt ccctggaacc ccagctcgga gggctctcagc ctccccctggg ttgggagaag 840
tccatctttc cccttagtgc caccgggctg ctgagtcacg aggaatgtgt tgctgctgcc 900
acccctgcc 909
```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 7:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 930 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure

- (C) STrang: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 7:

```

tgaggccaag gcggcgtgag tctgcgcagt gtggggctga gggaggccgg acggcgcgcg 60
tgcgtgcttg cgtgcgttca ctttcagcct ggtgtggggc ttgtaaaca ataacataaa 120
aatggcttcc aaaagagctc tggtcaccc ggctaaagga gcagaggaaa tggagacggg 180
catccctgta gatgtcatga ggcgagctgg gattaagggt accgttgca gcttggctgg 240
aaaagacca gtacagtgtg gccgtgatgt ggtcatttgt cctgatgcca gccttgaaga 300
tgcaaaaaaa gagggacat atgatgtggt gttctacca ggaggtaatc tgggcgcaca 360
gaatttatct gagtctgctg ctgtgaagga gatactgaag gagcaggaaa accggaaggg 420
cctgatagcc gccatctgtg caggctctac tgctctgttg gctcatgaaa taggttttgg 480
aagtaaagtt acaacacacc ctcttgctaa agacaaaatg atgaatggag gtcattacac 540
ctactctgag aatcgtgtgg aaaaagacgg cctgattctt acaagccggg ggcctgggac 600
cagcttcgag tttgcgcttg caattgttga agccctgaat ggcaaggagg tggcggctca 660
agtgaaggct ccacttggtc ttaaagacta gagcagcgaa ctgcgacgat cacttagaga 720
aacaggccgt taggaatcca ttctcactgt gttcgctcta aacaaaacag tggtaggtta 780
atgtgttcag aagtcgctgt ccttactact tttgcggaag tatggaagtc acaactacac 840
agagatttct cagcctacaa attgtgtcta tacatttcta agccttggtt gcagaataaa 900
cagggcattt agcaaaactaa aaaaaaaaaa 930

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 8:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
(A) LÄNGE: 989 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STrang: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 8:

```

cgcgcgggcg tcgtgcacgc ggtttagact gcccgcggc ggcagaagcg gcgctcgcgc 60
caagggacgt gtttctgcgc tcgctgggtc atggaggcgc tgccgctgct agccgcgaca 120
actccggacc acggccgcca ccgaaggctg cttctgctgc cgctactgct gttcctgctg 180
ccggctggag ctgtgcaggg ctgggagaca gaggagaggc cccggactcg cgaagaggag 240
tgccacttct acgcggttg acaagtgtac ccgggagagg catcccggt atcggtcgcc 300
gaccactccc tgcacctaa gaaagcgaag atttccaagc cagcgcccta ctgggaagga 360
acagctgtga tcgatggaga atttaaggag ctgaagttaa ctgattatcg tgggaaatac 420
ttggttttct tctctaccc acctgatttc acatttgtgt gtccaactga aattatcgct 480
tttggcgaca gacttgaaga attcagatct ataaatactg aagtggtagc atgctctgtt 540
gattcacagt ttaccattt ggcttgatt aatacccctc gaagacaagg aggacttggg 600
ccaataagga ttccacttct ttcagatttg acccatcaga tctcaaagga ctatggtgta 660
tacctagagg actcaggcca cactcttaga ggtctcttca ttattgatga caaaggaatc 720
ctaagacaaa ttactctgaa tgatcttct gtgggtagat cagtggatga gacactacgt 780
ttggttcaag cattccagta cactgacaaa cacggagaag tctgccctgc tggctggaaa 840
cctggtagtg aaacaataat ccagatcca gctggaaaagc tgaagtattt cgataaactg 900
aattgagaaa tacttcttca agttatgatg cttgaaagtt ctcaataaag ttcacggttt 960
cattaccaa aaaaaaaaa aaaaaaaaa 989

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 9:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2017 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library



## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 9:

```

aagcaacctc gtttatgtct tatctttgca ttttcctgta ttcagctatt ttcttaaagg 60
aaggcccagg tctgtattat cctactgcc aataggaagt aaaatgagta ctcacagcct 120
tgcgcctaata cactgaacac agcttttagt aatgttttac acaagaacag gatattggca 180
actcaactgt taagcctttc tgtgattatt cttccttgag atcactctga tgtcaccagt 240
gtaattttgag cctggagcct ttgttcacac tttaaatagc agtcccagaa tgatttcact 300
acagactctc tggaaagcct gggagctgaa ttccggaaga tccccacatc gatgaaagca 360
aagcgaagca ccaagccatc atcatgtcca cgtcgtacg agtcagccca tccatccatg 420
gctaccactt cgacacagcc tctcgtaga aagccgtggg caacatcttt gaaaacacag 480
accaagaatc actagaaagg ctcttcagaa actctggaga caagaaagca gaggagagag 540
ccaagatcat ttttgccata gatcaagatg tggaggagaa aacgcgtgcc ctgatggcct 600
tgaagaagag gacaaaagac aagcttttcc agtttctgaa actgcgaaa tattccatca 660
aagttcactg aagagaagag gatggataag gacgttatcc aagaatggac attcaaagac 720
caagtgagtt tgtgagattc taacagatgc agcattttgc tgctacctta caagcttctc 780
ttctgtcagg actccagagg ctggaaaggg accgggactg gaaagggacc aggactgaac 840
agactggtta caaagactcc aaacaatttc atgccctgtg ctgttacaga ggagaacaaa 900
atgctttcag caaggatttg aaaactcttc cgtccctgca ggaaaggatt gatgctgata 960
gaagagcctg gacagatgta atgagaacta aagaaaacag atggctggag atgacatttal1020
tccagggtca ctttgtcagg ccctaggact taaatcgaag ttgaactttt tttttttttt1080
aaccaaatag ataggggagg ggaggaggga gagggaggac agggagagaa aataccatgc1140
ataaattggt tactgaattt ttatatctga gtgttcaaaa tatttccaag cctgagtatt1200
gtctatttgt atagattttt agaaatcaat aattgattat ttatttgcac ttattacaat1260
gcctgaaaaa gtgcaccaca tggatgttaa gtagaaattc aagaaagtaa gatgtcttca1320
gcaactcagt aaaaccttac gccacctttt ggtttgtaaa aggtttttta tacatttcaa1380
acagggttgca caaaagttaa aataatgggg tcttttataa atccaaagta ctgtgaaaac1440
attttacata ttttttaaat ctctgacta atgctaaaac gtaatctaata taaatttcat1500
acagttactg cagtaagcat taggaagtga atatgatata caaaatagtt tataaagact1560
ctatagtttc tataatttat ttactggca aatgtcatgc aacaataata aattattgta1620
aactttgttg cttttggtct gtgatgcttg gtctcaaagg aaaaaataag atggtaaatg1680
ttgatattta caaacttttc taaagatgtg tctctaacaa taaaagttaa ttttagagta1740
gttttatatt aattacaaa ctttttcaaa acaaattctt acgtcaaata tctgggaagt1800
ttctctgtcc caatcttaaa atataaaaata tagatataga agttcataga ttgactcctt1860
ggcatttcta tttatgtatc cattaaggat gagttttaa aggctttctc ttcatacttt1920
tgaaaaattt cttctatgat tacagtagct atgtacatgt gtacatctat ttttcccaag1980
caatatgttt tgggttttaga gtctgagtga tgaccaa 2017

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 11:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1365 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

## (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

## (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 11:

```

ggggcaggct gagacagcgc ccagaacctc ggagcaaggc gttggcagat ctgaagacag 60
catgtacaca gccattcccc agagtggctc tccattccca ggctcagtgc aggatccagg 120
cctgcatgtg tggcgggtgg agaagctgaa gccgggtgct gtggcgcaag agaaccaggg 180
cgtcttcttc tcgggggact cctacctagt gctgcacaat ggcccagaag aggtttccca 240
tctgcacctg tggataggcc agcagtcata ccgggatgag cagggggcct gtgccgtgct 300
ggctgtgcac ctcaacacgc tgctgggaga gcggcctgtg cagcaccgcg aggtgagggc 360
aatgagtctg acctcttcat gagctacttc ccacggggcc tcaagtacca ggaaggtggt 420
gtggagtcag catttcacaa gacctccaca ggagccccag ctgccatcaa gaaactctac 480
caggtgaagg ggaagaagaa catccgtgcc accgagcggg cactgaactg ggacagcttc 540
aacactgggg actgcttcat cctggacctg ggccagaaca tcttcgcctg gtgtggtgga 600
aagtccaaca tcctggaacg caacaaggcg agggacctgg ccctggccat ccgggacagt 660
gagcgacagg gcaaggccca ggtggagatt gtcactgatg gggaggagcc tgctgagatg 720
atccaggctc tgggccccaa gcctgctctg aaggagggca accctgagga agacctcaca 780
gctgacaagg caaatgccca ggccgcagct ctgtataagg tctctgatgc cactggacag 840
atgaacctga ccaagggtggc tgactccagc ccatttgccc ttgaactgct gatattctgat 900
gactgctttg tgctggacaa cgggctctgt ggcaagatct atatctgga ggggcgaaaa 960
gcgaatgaga aggagcggca ggcagccctg caggtggccg agggcttcat ctgcgcgatg1020
cagtacgccc cgaacactca ggtggagatt ctgcctcagg gccgtgagag tcccatcttc1080
aagcaatttt tcaaggactg gaaatgaggg tgggcgtctt cctgccccat gctcccctgc1140
ccccaccac ctgcctgctt gcttctctgg ctgcctggtc agtgacagag tgccccctgc1200
agatgttcaa taaaggagac aagtgtcttc ccagctcttt tcctgcaaaa cctgccctgg1260
gctgattctc actgtcacc acctattcac ctgggttcat ccccatgctg ggggtggagt1320
agcacacaga tgacaattgg acagccttgg aggggccaga gctgc 1365

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 12:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1597 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRang: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 12:

```

accaatggcc aggccatcgc tgaaagatgc cggcgtcgcc actctggcct ggatgggtgat 60
aatgggtgat ggcctgcaca atttcagcga tggcctagca attgggtgctg cttttactga 120
aggcttatca agtggtttaa gtacttctgt tgctgtgttc tgcatgagt tgcctcatga 180
attaggtgac tttgctgttc tactaaaggc tggcatgacc gttaagcagg ctgtccttta 240
taatgcattg tcagccatgc tggcgtatct tgggaatggca acaggaattt tcattgggtca 300
ttatgctgaa aatgtttcta tgtggatatt tgcacttact gctggcttat tcatgtatgt 360
tgctctgggt gatatggtag ctgaaatgct gcacaatgat gctagtgacc atggatgtag 420
ccgctggggg tatttctttt tacagaatgc tgggatgctt ttgggttttg gaattatgtt 480
acttatttcc atatttgaac ataaaatcgt gtttcgtata aatttctagt taaggtttaa 540
atgctagagt agcttaaaaa gttgtcatag tttcagtagg tcatagggag atgagtttgt 600
atgctgtact atgcagcgtt taaagtttag gggttttgtg atttttgtat tgaatattgc 660
tgtctgttac aaagtcagtt aaaggtagct tttaatattt aagttattct atcttgagga 720
taaaatctgt atgtgcaatt caccggatatt accagtttat tatgtaaaaca agagatttgg 780
catgacatgt tctgtatgtt tcagggaaaa atgtctttaa tgctttttca agaactaaca 840
cagttattcc tatactggat tttaggtctc tgaagaactg ctggtgttta ggaataagaa 900
tgtgcatgaa gcctaaaata ccaagaaagc ttatactgaa tttaaagcaa gaaataaagg 960
agaaaagaga agaactctgag aattggggag gcatagattc ttataaaaaa cacaaaattt1020
gttgtaaatt agaggggaga aatttagaat taagtataaa aaggcagaat tagtatagag1080
tacattcatt aaacattttt gtcaggatta tttcccgtaa aaacgtagtg aggcactttt1140
catatactaa tttagttgta catttaactt tgtataatac agaaatctaa atatatttaa1200
tgaattcaag caatatatca cttgaccaag aaattggaat ttcaaaatgt tcgtgcgggt1260
atataccaga tgagtacagt gagtagtttt atgtatcacc agactgggtt attgccaagt1320
tatatatcac caaaagctgt atgactggat gttctgggta cctgggtttac aaaattatca1380
gagtagtaaa actttgatat atatgaggat attaaaacta cactaagtat catttgattc1440
gattcagaaa gtactttgat atctctcagt gcttcagtgc tatcattgtg agcaattgtc1500
ttttatatac ggtactgtag ccatactagg cctgtctgtg gcattctcta gatgtttctt1560
ttttacacaa taaattccct atatcagctt gaaaaaa 1597

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 13:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1780 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 13:

```

cgggcgcggc cggacggtag ttccccggag aaggatcctg cagcccagat cccgaggata 60
aagcttgagg ttcatcctcc ttccctggag cccgagtcct gtcctcaggc ttccccaatc 120
caggggactc ggcgccggga cgctgctatg gacgacattt tcaactcagt ccgggagggc 180
aacgcagtcg ccgttcgcct gtggctggac aacacggaga acgacctcaa ccagggggac 240
gatcatggct tctccccctt gcaactgggc tgccgagagg gccgctctgc tgtggttgag 300
atgttgatca tgcggggggc acgatcaat gtaatgaacc gtggggatga cccccctg 360
catctggcag ccagtcatgg acaccgtgat attgtacaga agctattgca gtacaaggca 420
gacatcaatg cagtgaatga acacgggaat gtgccctgac actatgcctg tttttggggc 480
caagatcaag tggcagagga cctggtggca aatggggccc ttgtcagcat ctgtaacaag 540
tatggagaga tgcctgtgga caaagccaag gcacccctga gagagcttct ccgagagcgg 600
gcagagagaa tgggccagaa tctcaaccgt attccataca aggacacatt ctggaagggg 660
accaccgca ctcggccccg aaatggaacc ctgaacaaac actctggcat tgacttcaaa 720
cagcttaact tcctgacgaa gctcaacgag aatcactctg gagagctatg gaagggccgc 780
tggcagggca atgacattgt cgtgaagggt ctgaagggtc gagactggag tacaaggaag 840
agcagggact tcaatgaaga gtgtccccgg ctgaggattt tctcgcatcc aaatgtgctc 900
ccagtgcctg gtgcctgcca gtctccacct gctcctcatc ctactctcat cacacactgg 960
atgccgtatg gatccctcta caatgtacta catgaaggca ccaatttcgt cgtggaccag 1020
agccaggctg tgaagtttgc tttggacatg gcaaggggca tggccttcct acacacacta 1080
gagccctca tcccacgaca tgcaactaat agccgtagtg taatgattga tgaggacatg 1140
actgccgaa ttagcatggc tgatgtcaag ttctcttcc aatgtcctgg tcgcatgtat 1200
gcacctgcct gggtagcccc cgaagctctg cagaagaagc ctgaagacac aaacagacgc 1260
tcagcagaca tgtggagttt tgcagtgtt ctgtgggaac tggtagacac ggaggtacct 1320
tttgctgacc tctccaatat ggagattgga atgaagggtg cattggaagg ccttgggcta 1380
ccatcccacc aggtatttcc cctcatgtgt gtaagctcat gaagatctgc atgaatgaag 1440
accctgcaaa gcgacccaaa tttgacatga ttgtgcctat ccttgagaag atgcaggaca 1500
agtaggactg gaaggtcctt gcctgaactc cagaggtgtc gggacatggt tgggggaatg 1560
cacctcccca aagcagcagg cctctggttg cctccccgc ctcagtcac ggtagacct 1620
cagccatggg gtccatcccc ttccccatc cctaccactg tggccccaag aggggcgggc 1680
tcagagcttt gtcacttgcc acatggtgtc tccaacatg ggagggatca gcccgcctg 1740
tcacaataaa gtttattatg aaaacaaaaa aaaggtgtgg 1780

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 14:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 892 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 14:

```

aacgactcct ggtaccttgc tccattact tcccgtttcc tcgatctgct gtcgctctca 60
ggctcgtagt tcgccttcaa catgccgaa ccagcgaagt ccgctcccgc gcccaagaag 120
ggctcgaaga aagccgtgac taaggcgag aagaaggacg gcaagaagcg caaggcagcc 180
gcaaggagag ctactccgta tacgtgtaca aggtgctgaa gcagggtccac cccgacaccg 240
gcatctcctc taaggccatg ggaatcatga actccttcgt caacgacatc ttcgaacgca 300
tcgcgggtga ggcttcccgc ctggcgcat acaacaagcg ctcgaccatc acctccaggg 360
agatccagac ggccgtgcgc ctgctgctgc ccggggagtt ggccaagcac gccgtgtccg 420
agggcaccaa ggccgtcacc aagtacacca gcgctaagta aacttgccaa ggagggactt 480
tctctggaat ttcttgatat gaccaagaaa gcttcttacc aaaagaagca caattgcctt 540
cggttacctc attatctact gcagaaaaga agacgagaat gcaaccatac ctatgtggac 600
ttttccacaa gctaaagctg gcctcttgat ctcatcaga ttccaaagag aatcatttac 660
aagttaattt ctgtctcctt ggtccattcc ttctctctaa taatcattta ctgttcctca 720
aagaattgtc tacattaccc atctcctctt ttgcctctga gaaagagtat ataagcttct 780
gtaaccactt ggggggttgg ggtaatatc tgtggtcctc agccctgtac cttaataaat 840
ttgtatgcct ttctctctaa aaaaaaaaaa gaggaagaa ggaagaggat gc 892

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 15:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 992 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 15:

```

ctctcgcgag gattggctgt tagcggcgtt gtagttaagc tcgtgtaacg gcggcgggtg 60
cggcagctgc ttagcgaag agagtttggc gcgatgtctc acaccatttt gctggtacag 120

```

```

cctaccaaga ggccagaagg cagaacttat gctgactacg aatctgtgaa tgaatgcatg 180
gaagggtgttt gtaaaatgta tgaagaacat ctgaaaagaa tgaatcccaa cagtccctct 240
atcacatatg acatcagtcg gttgtttgat ttcatcgatg atctggcaga cctcagctgc 300
ctggtttacc gagctgatac ccagacatac cagccttata acaaagactg gattaaagag 360
aagatctacg tgctccttcg tcggcaggcc caacaggctg ggaaataatt gtgttggag 420
cactggggggg gttgggggtg gcttgggaaca cagggtgtgta cagcgtgctg tagtggag 480
tttgtatcat agtaatcctg tttccacttt gttatactct agccaagatt gactgtatta 540
gatgaaatgt gaggatcttg ttcaatcgga aacccccgtt acctcctctt tttctttctc 600
tttctttttt tttttttact taaacatttt tatgatgatt tagatggaag ttgttcttcg 660
tcacttaatg ttggttccag tccttcaact gttcatatct actttataac attcacatac 720
taacccttct tcaagatggg gtgggggggtg gaaatgcagt ttagccatgt cctcaagata 780
aagtcttggg aaaaaataat aaatgtcctt tagttataaa aaaaaaaaaa aaaattgaag 840
gactggaacc aacattaagt gacgaagaac aactgtggtg tgtgggaaag gctttggacc 900
tagaccaacc tggattgaaa tctaattttc tcacttaagg gaagttcaat tactcctcag 960
ttcccacatc tatcagtggt gataatgcct ag 992

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 16:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1196 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

## (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

## (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 16:

```

gggcgcgccg aaggtcagcg tgtgaagtag gcgctggcaa cgcgggggta cccgctgtta 60
ttgaggagta acggcccagc ggaccaccca ggcttgaggg agcggcggga accactcgg 120
ttgctgcgat accatggaag gaggcggggg aagcggcaac aaaaccacag ggggattggc 180
cggctttttc ggagccggcg gagcagggtta ctgcacgcg gatttggctg gcgtcccgc 240
aactggtatg aaccctctgt ctcttattt aaatgtggat ccacgatacc tcgtgcagga 300
tacagatgag tttattttac ctaccggagc taataaaacc cggggcagat ttgagctggc 360
cttcttttac attggaggat gttgcatgac aggggctgcg tttggtgcaa tgaatggtc 420
tcggctagga ttgaaggaaa ccagaacat ggctggtcc aaaccaagaa atgtacagat 480
tttgaatatg gtgactaggc aaggggcaact ttgggctaact actctaggtt ctctggcttt 540
gctctatagt gcatttggtg tcatcattga gaaaacacga ggtgcagaag atgaccttaa 600
cacagtagca gctggaacca tgacaggcat gttgtataaa tgtacagggtg gtcttcgagg 660

```

```

gatagcacga ggtggtctga caggactaac acttaccagc ctctatgcac tatataataa 720
ctgggagcac atgaaaggct ccttgctcca acagtcactc tgaagatttt gccaaactcat 780
gaatggagga cacttcagta gtcattctaga tccttttata agacagtttg gagttattct 840
ctctcttcta cctacaatta gtttgaaaaa ttggagattt tgatttgctg tgatgaaaaa 900
cctggatggc tgaccaagac tggcacttgt tccagccatt agtgagttga agccaaagcc 960
ctttggtgac tcaactgagta ccatggttct gttctcctct ggagatcttg cacgtatctg1020
ttttcctccc ccatgaacta gaaaaccact tactcccaga attcaggtcg tgcttggttag1080
tactatatca ccaagtccat tcatttaatg atccaaaact gtaatgttgc actgtattcc1140
aaataaaggg taaaaacaga accaaagtta taactccaac acacaaaaaa aaaaaa 1196

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 17:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1105 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

## (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

## (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 17:

```

ggcttaggcc cagccccctg cctccccctc cttccccccag gtataagagc tgagctcagg 60
tgagctggct cctcctgtct tgtctcagcg gctgccaaca gatcatgagc catcagctcc 120
tctggggcca gctataggac aacagaactc tcaccaaagg accagacaca gtgagcacca 180
tgggacagtg tcggtcagcc aacgcagagg atgctcagga attcagtgat gtggagaggg 240
ccattgagac cctcatcaag aactttcacc agtactccgt ggaggggtgg aaggagacgc 300
tgacccttct tgagctacgg gacctggtca cccagcagct gcccatctc atgccgagca 360
actgtggcct ggaagagaaa attgccaacc tgggcagctg caatgactct aaactggagt 420
tcaggagttt ctgggagctg attggagaag cggccaagag tgtgaagctg gagaggcctg 480
tccgggggca ctgagaactc cctctggaat tcttgggggg tggtggggag agactgtggg 540
cctggagata aaacttgtct cctctaccac caccctgtac cctagcctgc acctgtcctc 600
atctctgcaa agttcagctt ccttccccag gtctctgtgc actctgtctt ggatgctctg 660
gggagctcat ggggtggagga gtctccacca gagggaggct caggggactg gttgggccag 720
ggatgaatat ttgagggata aaaatttgtt aagagccaaa gaattggtag tagggggaga 780
acagagagga gctgggctat gggaaatgat ttgaataatg gagctgggaa tatggctgga 840
tatctggtac taaaaaaggg tctttaagaa cctacttctt aatctcttcc ccaatccaaa 900
ccatagctgt ctgtccagtg ctctcttctt gcctccagct ctgccccagg ctctctctag 960
actctgtccc tgggctaggg caggggagga gggagagcag ggttggggga gaggctgaggi1020

```

agagtgtgac atgtggggag aggaccagct ggggtgcttg gcattgacag aatgatgggt1080  
gttttgatc atttgattaa taaaa 1105

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 18:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2006 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 18:

tgcgagccga	ggcgccgagc	aagatggcgg	cgcgagtgtc	gcgcgcccgc	ggaggcgctg	60
ggcgggcggc	ctcctgcagc	ggcgggcccc	ctgcagcctc	ctgcccaggc	tccggacatg	120
gacatcttcc	agcaacagat	ctcgagaaga	cagctggcta	aaatccttat	ttgtccggaa	180
agttgatcca	agaaaagatg	cccactccaa	tctcctagcc	aaaaaggaaa	caagcaatct	240
atacaaatta	cagtttcaca	atgttaaacc	ggaatgccta	gaagcataca	acaaaatttg	300
tcaagaggtg	ttgccaaaga	ttcacgaaga	taaacactac	ccttgtactt	tggtggggac	360
ttggaacacg	tggtatggcg	agcaggacca	agctgtccac	ctctggaggt	atgaaggagg	420
ctatccagcc	ctcacagaag	tcatgaataa	actcagagaa	aataagggaat	ttttggaatt	480
tcgtaaggca	agaagtgaca	tgcttctctc	caggaagaat	cagctcctgt	tggaagtccag	540
tttctggaat	gagcctgtgc	caagatccgg	acctaataata	tatgaactca	ggctcttacc	600
actccgacca	ggaaccatga	ttgaatgggg	caattactgg	gctcgtgcaa	tccgcttcag	660
acaggatggt	aacgaagccg	tcggaggatt	cttctctcag	attgggcagc	tgtaacatgt	720
gcaccatctt	tgggcttaca	gggatcttca	gaccagggaa	gacatacga	atgcagcatg	780
gcacaaacat	ggctgggagg	aattggtata	ttacacagtt	ccacttattc	aggaaatgga	840
atccagaatc	atgatccac	tgaagacctc	gcccctccag	taaagctgta	gagtttctat	900
gtgcctacat	acatttctgt	gacaagtatt	tgtcgtaaat	taattttaat	tgtgtatcaa	960
gtgaaaaaga	aacactgagg	ttttaagctg	ctgtatatag	cttgtgagaa	acctcttttc	1020
tttaaaattt	acataatcac	aagaaaggaa	agaattacag	ttggactgat	tgtgacagtg	1080
ccttgctcgtc	ctctttgaaa	caccccggtg	tgtccagtat	accttataac	acttagccac	1140
ttctccccac	cctccagaag	gggtccacgt	tgaattctga	atcatcttga	aaataagatt	1200
ccaaccacaa	aaaaaattta	gccatttctt	tactaaaaaa	aacaaaaaaa	caaactctgt	1260
ttataatcac	agatttttag	acaaatttct	tgtatcagga	agaaatacaa	attttgtcat	1320
gtttctcaag	cagtttttct	gagtagtttc	tgaggaggaa	caaattacaa	gtgtacccaal	1380
taactgaaaa	tgttttaact	cactctcatt	tgtaagcagt	ccacatagta	gacaatgggt	1440



```

tttccaagct gggcaaggta catttaatca gtaaatacagt ttcacatcat gtattgtgat1500
gtttcaatgt gagacacaaa aacaatggct tgaaacttgt gtatcatatg tgattttgaa1560
atgaacacct tgaatagcac taatttttat ttgtgggtatt tttctataac aaaacaagta1620
gctctaggaa aagaggtttt attttgtaaa cgatcatttg tgacctcaga cactctctgg1680
ctaataatatt aataagctca cagcagataa ttctgagatc atgggtgagg ggtggtgcat1740
gttgagattt aaattggcat aaagctgcat actttttgtc tagctgtttg atttcatttt1800
ttaatatagt atgccaattt tgtgactgtt accatgtgaa agtcctgttg aaatgaacaa1860
ttgtctgccc cacaatcaag aatgtatgtg taaagtgtga ataaatctca tatcaaatgt1920
caaactttta catgtgaatg attttctcaa agaacataga aaagtcaata aaatcctctt1980
aatttcacaa aaaaaaaaaa aaaaaac

```

2006

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 19:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 834 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

## (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

## (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 19:

```

ccggaaccag aactggaatc cgcccttacc gcttgctgcc aaaacagtgg gggctgaact 60
gacctctccc ctttgggaga gaaaaactgt ctgggagctt gacaaaggca tgcaggagag 120
aacaggagca gccacagcca ggaggagag ctttcccaa gcaacaatc cagagcagct 180
gtgcaaacaa cgggtgcataa atgaggcctc ctggaccatg aagcgagtcc tgagctgctg 240
cccggagccc acggtgggtca tggctgccag agcgtctctg atgctggggc tggctcctggc 300
cttgctgtcc tccagctctg ctgaggagta cgtgggcttg tctgcaaac agtgtgccgt 360
gccagccaag gacagggtgg actgcggcta ccccatgtc accccaagg agtgcaacaa 420
ccggggctgc tgctttgact ccaggatccc tggagtgcct tgggtgtttca agcccctgca 480
ggaagcagaa tgcaccttct gaggcacctc cagctgcccc cggccggggg atgcgaggct 540
cggagcaccc ttgcccggct gtgattgctg ccaggcactg ttcattctag cttttctgtc 600
cctttgctcc cggcaagcgc ttctgctgaa agttcatatc tggagcctga tgtcttaacg 660
aataaaggct ccatgctcca cccgaggaca gttcttcgtg cctgagactt tctgaggttg 720
tgctttattt ctgctgcgtc gtggacagcg ggagggtgtc aggggagagt ctgcccaggc 780
ctcaagggca ggaaaagact ccctaaggag ctgcagtgtc tgcaaggata tttt 834

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 20:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 765 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:20 :

```

cgggaaacggg gcggacgcgg ctgcgccggc gcgtcgaggg gagaggcagc agccgcgatg 60
gacgtgttcc tcatgatccg gcgccacaag accaccatct tcacggacgc caaggagtcc 120
agcacggtgt tcgaactgaa gcgcacgcgc gagggcatcc tcaagcggcc tcctgacgag 180
cagcggctgt acaaggatga ccaactcttg gatgatggca agacactggg cgagtgtggc 240
ttcaccagtc aaacagcacg gccacaggcc ccagccacag tggggctggc cttccgggca 300
gatgacacct ttgaggccct gtgcacgcag ccgttttcca gcccgccaga gctgcccgat 360
gtgatgaagc cccaggactc gggaagcagt gccaatgaac aagccgtgca gtgagacccc 420
caagaggccc atttccccca ataaaagaga tttgggagtc tgacaaaatg ctgcctcttt 480
ttcccgcgcc tccctgggat gggccccact ccctgtgggc tccttttggg gcttgtgctt 540
ggcagttcct gtgctgtcct gtctcccaga tcctgagacc ctggctgaga acttggccca 600
gcctgtgtct taaaggcacc atggggacct gggttgccct cagacccaag ccattgttag 660
cagctagcca gccacacca ccacgccagg gggaggaaag ggaaggaaat ggagagacac 720
aaagaccaga gccaacctca gggacaagag attccagtgt ggcct 765

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 21:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 779 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 21:

```
gcggggagtc caggttcgcg cccggagccg acttcctcct ggtcggcggc tgcagcgggg 60
tgagcggcgg cagcggccgg ggatcctgga gccatggggc gcgcgcgcga cgccatcctg 120
gatgcgctgg agaacctgac cgccgaggag ctcaagaagt tcaagctgaa gctgctgtcg 180
gtgccgctgc gcgagggtta cgggcgcac cgcggggcg cgtgctgtgc catggacgcc 240
ttggacctca ccgacaagct ggtcagcttc tacctggaga cctacggcgc cgagctcacc 300
gctaacgtgc tgcgcgacat gggcctgcag gagatggccg ggcagctgca ggcggccacg 360
caccagggct ctggagccgc gccagctggg atccaggccc ctctcagtc ggcagccaag 420
ccaggcctgc actttataga ccagcaccgg gctgcgctta tcgcgagggt cacaaacgtt 480
gagtggctgc tggatgctct gtacgggaag gtcctgacgg atgagcagta ccaggcagtg 540
cgggccgagc ccaccaaccc aagcaagatg cggaagctct tcagtttcac accagcctgg 600
aactggacct gcaaggactt gctcctccag gccctaaggg agtcccagtc ctacctggtg 660
gaggacctgg agcggagctg aggctccttc ccagcaacac tccggtcagc ccctggcaat 720
cccaccaaat catcctgaat ctgatctttt tatacacaat atacgaaaag ccagcttga 779
```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 22:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2327 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STrang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 22:

```

cccacgcgtc cgagacatta ataagcttga agagcagaat ccagatattg tttcagaaaa 60
aaaaccagca actgaagtgg accccacaca ttttgaaaag cgcttcctaa agaggatccg 120
tgacttggga gagggccact ttgggaaggt tgagctctgc aggtatgacc ccgaaggagc 180
caatacaggg gagcaggtgg ctgttaaatac tctgaagcct gagagtggag gtaaccacat 240
agctgatctg aaaaaggaaa tcgagatctt aaggaacctc tatcatgaga acattgtgaa 300
gtacaaagga atctgcacag aagacggagg aaatggtatt aagctcatca tggaaattct 360
gccttcggga agccttaagg aatatcttcc aaagaataag aacaaaataa acctcaaaca 420
gcagctaaaa tatgccgttc agatttgtaa ggggatggac tatttgggtt ctccgcaata 480
cgttcacccg gacttggcag caagaaatgt ccttggtgag agtgaacacc aagtgaataa 540
tggagacttc ggtttaacca aagcaattga aaccgataag gagtattaca ccgtcaagga 600
tgaccgggac agccctgtgt tttggtatgc tccagaatgt ttaatgcaat ctaaatttta 660
tattgcctct gacgtctggt cttttggagt cactctgcat gagctgctga tctactgtga 720
ttcagattct agtcccatgg ctttgttctt gaaaatgata ggcccaacct atggccagat 780
gacagtcaca agacttgtga atacgttaaa agaaggaaaa cgcttgcctg gccccactaa 840
ctgtccagat gaggtttatc aacttatgag gaaatgctgg gaattccaac catccaatcg 900
gacaagcttt cagaacctta ttgaaggatt tgaagcactt taaaataaag aagcatgaat 960
aacatttaaa ttccacagat tatcaagtcc ttctcctgca acaaatgccc aagtcatttt 1020
ttaaaaaatt ctaatgaaag aagtttgtgt tctgtccaaa aagtcactga actcatactt 1080
cagtcacatat acatgtataa ggcacactgt agtgcctaat atgtgtaagg acttcctctt 1140
taaatttggg accagtaact tagtgacaca taatgacaac caaaatattt gaaagcactt 1200
aagcactcct ccttgtggaa agaataatcc accatttcat ctggctagtt caccatcacal 1260
actgcattac caaaagggga tttttgaaaa cgaggagtgt accaaaataa tatctgaaga 1320
tgattgcttt tccctgctgc cagctgatct gaaatgtttt gctggcacat taatcataga 1380
taaagaaaga ttgatggact tagccctcaa atttcagtat ctatacagta ctagaccatg 1440
cattcttaaa atattagata ccaggtagta tatattgttt ctgtacaaaa atgactgtat 1500
tctctcacca gtaggactta aactttgttt ctccagtggc ttagctcctg ttcctttggg 1560
tgatcactag caccatttt tgagaaagct ggttctacat ggggggtag ctgtggaata 1620
gataatttgc tgcattgtaa ttaattctca agaactaagc ctgtgccagt gctttccta 1680
gcagtatacc ttaatacaga actcattccc agaacctgga tgctattaca catgctttta 1740
agaaacgtca atgtatatcc ttttataact ctaccacttt ggggcaagct attccagcac 1800
tggttttgaa tgctgtatgc aaccagtctg aataccacat acgctgcact gttcttagag 1860
ggtttccata cttaccaccg atctacaagg gttgatccct gtttttacca tcaatcatca 1920
ccctgtggtg caacacttga aagaccggc tagaggcact atggacttca ggatccacta 1980
gacagttttc agtttgcttg gaggtagctg ggtaatacaa aatgtttagt cattgattca 2040
atgtgaacga ttacggtctt tatgaccaag agtctgaaaa tctttttgtt atgctgttta 2100
gtattcggtt gatattgtta cttttcacct gttgagccca aattcaggat tggttcagtg 2160
gcagcaatga agttgccatt taaatttgtt catagcctac atcaccaagg tctctgtgtc 2220
aaacctgtgg ccactctata tgcactttgt ttactcttta tacaataaaa tatactaaag 2280
actttaaaag agaagagaaa aaagaaaaga aaaaaaaaag ggggaag 2327

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 23:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 911 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

## (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

## (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:23 :

```

ccgggattgg ctgcgggcct cgcgaccctc ctgcttccct ccccgccccg cgccgcctct 60
ctggtttggt cgcccgtcgc aggtcgaggg cctctttgtc agctggaggt gcgcgggctg 120
acgcgccact atgtagcggg ttccggggcg gccacgcgtg cgggacagga acccaacccc 180
agccgacctt gagctccagg agttcgtctc ttacgtctgc ggaagtgcag ctgcctcagt 240
tcttagcgca ggttgacaac tacaggcaca agccattgaa gctggaatgt cctgttgctg 300
gtatttcaat tgacttaagc caactatccc ttcagttaca ataggaaagt gcctctaata 360
aggccaaata tgcgtactaa cttgtagcaa ccacgtgtcc gtgcagtgcc acaggageta 420
gagcagtgac aatgctgggt gcaacagggc agtgtagcag gtgcttcagt ttcacctttt 480
caaccttttc atttaattgt cacaactcgg aggtggattc tgtagggac aggctgcccc 540
aggaccactc cgcccccgct aactcaatgc agctgacctt taccctgaat actctgcagc 600
tgcattcctg aaccgttatc taggcgctat agcaaggcca ccagacttgc tacaccgaag 660
ccctctgggt ggacaggggg aggtcatgag aaacgtggat tacacccctt tgtaaatcc 720
tattttcaca agataatata ttgtaagccg gtcatgagat tatatgtggg aaagttaatt 780
gactaacaac cccaggggtc ctctccccc tataaacccc tcattttgta agctcagggc 840
tgccacctcc gactggtgga gaagcctggc aggttaataa acttacttgg cctgaaaagg 900
gaaaagcaag a

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 24:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 595 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:24 :

```

cccacgcgtc cggccaggat actgcgagta tggcggcgtc aaaggtgaag caggacatgc 60
ctccgcccgg gggctatggg cccatcgact acaaacggaa cttgccgcgt cgaggactgt 120
cgggctacag catgctggcc atagggattg gaaccctgat ctacgggcac tggagcataa 180
tgaagtggaa ccgtgagcgc aggcgcctac aaatcgagga cttcgaggct cgcacgcgc 240
tgttgccact gttacaggca gaaaccgacc ggaggacctt gcagatgctt cgggagaacc 300
tggaggagga ggccatcatc atgaaggacg tgcccgcactg gaaggtgggg gagtctgtgt 360
tccacacaac ccgctgggtg ccccccttga tcggggagct gtacgggctg cgcaccacag 420
aggaggctct ccatgccagc cacggcttca tgtggtacac gtaggccctg tgccctccgg 480
ccacctggat ccctgcccct cccactggg acggaataaa tgctctgcag acctggaaaa 540
aagaaaggag gacaagaaaa aacgggggtc agaagggaga gagtggggcc ccgta 595

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 25 :

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 886 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

## (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

## (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 25:

```

ctcagtatta agcaacagaa aatgagactc atcgtagact cagcatagac ccatcacaga 60
cctgtcagag gccgattgta agctcgctgt agacccatga tagcagaccc gtagtacta 120
gcactggatc aaatgcaagc ttataaagca ttggacacct caagtctagt cggcgagcag 180
gtcacaagct acctaaactaa gaagtttgct gaactacgca gccccaatga gttcaagggtg 240
tacatgggcc acggtgggaa gccctgggtc tccgacttca gtcaccctca ttacctggct 300
gggagaagag ccatgaagac agtttttggg gttgagccag acttgaccag ggaaggcggc 360
agtattcccg tgaccttgac ctttcaggag gccacgggca agaactcat gctgctgcct 420
gtggggtcag cggatgacgg agcccactcc cagaatgaaa agctcaacag gtataactac 480
atagagggaa ccaagatgct ggccgcgtac ctgtatgagg tctcccagct gaaggactag 540
gccaaagccct ctgtgtgcca tctccaatga gaaggaaatcc tgccctcacc tcaccctttt 600
ccaacttgcc cagggaagtg gaggttccct ctttcctttc cctcttgta ggtcatccat 660
gacttttagag aacagacaca agtgtatcca gctgtccacg ggtggagcta ccggttgggc 720
ttatgagtga cctggagtga cagctgagtc accctgggta agttctcaga gtggtcagga 780
tgacttgacc tgcagaagat acccaaggtc caaaagcaca aggtctgcgg aaagtctctg 840
ttgtcggctg ggcaccacgg ctcacaccta taatcgagca tttggg 886

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 27:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2273 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 27:

```

ttaaaaaaaaaa aaccgcctgg tcttggggtc cattaaaccc atggaacttc actatcccca 60
gttagccgctc ccagcgggtt aagtggacct ccaagtgtat ggctttatgg tttatggccg 120
ggttcaggcc cttataaag tgtaattatg tattaccagc aggggtgttt taactgtgac 180
tattgtataa aaacaaatct tgatatccag aagcacatga agtttgcaac ttccaccct 240
gccccattttt gtaaaactgc agtcatcttg gaccttttaa aacacaaatt taaactcaa 300
ccaagctgtg ataagtggaa tggttactgt ttatactgtg gtatgttttt gattacagca 360
gataatgctt tctttccag tcgtcttga gaataaagga aaaaaaatct tcagatgcaa 420
tggttttgtg tagcatcttg tctatcatgt tttgtaaata ctggagaagc tttgaccaat 480
ttgacttaga gatggaatgt aactttgctt acaaaaattg ctattaaact cctgcttaag 540
gtgttctaata tttctgtgag cactactaaa gcgaaaaata aatgtgaata aaatgtacaa 600
atttgtttgtg tttttttatg ttctaataat actgagactt ctaggctcta ggtaattttt 660
taggaagatc ttgcatgcca tcaggagtaa attttattgt ggttcttaat ctgaagtttt 720
caagctctga aattcataat ccgcagtgtc agattacgta gaggaagatc ttacaacatt 780
ccatgtcaaa tctgttacca tttattggca tttagttttc atttaagaat tgaacataat 840
tatttttatt gttagctatat agcatgtcag attaaatcat ttacaacaaa aggggtgtga 900
acctaagact atttaaattg cttatgagaa aatttcataa agccattctc ttgtcattca 960
ggtccagaaa caaattttaa actgagttag agtctataga atccatactg cagatgggtc 1020
atgaaatgtg accaaatgtg tttcaaaaat tgatgggtga ttacctgcta ttgtaattgc 1080
ttagtgtctg gctaatttcc aaattattgc ataatatgtt ctaccttaag aaaacaggtt 1140
tatgtaacaa agtaatggtg ttgaatggat gatgtcagtt catgggcctt tagcatagtt 1200
ttaagcatcc tttttttttg aaagtgttga aagtgtgtta gcatcttggt actcaaagg 1260
taagacagac aataataact cactgaatat taataatctt tactagttaa cctcctctgc 1320
tctttgccac ccgataactg gatatctttt ccttcaaagg accctaaact gattgaaatt 1380
taagatatgt atcaaaaaca ttatttcatt taatgcacat ctgttttgct gtttttgagc 1440
agtgtgcagt ttagggttca tgataaatca ttgaaccaca tgtgtaacaa ctgaatgccal 1500
aatcttaaac tcattagaaa aataacaaat taggttttga cagcattctt taattggaat 1560
aatggatcaa aaatagtggg tcatgacctt accaaacacc cttgctacta ataaaatcaa 1620
ataacactta gaagggtatg tatttttagt tagggtttct tgatcttgga ggatgtttga 1680

```

```

aagttaaaaa ttgaatttgg taaccaaagg actgatttat gggcttttcc tatcttaacc1740
aacgttttct tagttaccta gatggccaag tacagtgcct ggtatgtagt aagactcagt1800
aaaaaagtgg atttttaaaa ataactccca aagtgaatag tcaaaaatcc tgtagcaaa1860
ctgttatata ttgctaagtt tgttctttta acagctggaa ttattaaga tgcattattt1920
tgattttatt cactgcctaa aacactttgg gtggatttga tggagttggg ggattttcct1980
ccaagtgatt aaatgaaatt tgacgtatct ttcatccaa agttttgtac atcatgtttt2040
ctaacggaaa aaaatgttaa tatggctttt ttgtattact aaaaatagct ttgagattaa2100
ggaaaaataa ataactcttg tacagttcag tattgtctat taaatctgta ttggcagtat2160
gtataatggc atttgctgtg gttacaaaat acttcctctg gggtataata atcatttgat2220
ccaattccta ttgcttgtaa aataaagttt taccagttga tataaaaaaa aaa 2273

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 29:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1574 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

## (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

## (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 29:

```

gctctctgct ccggtgcagg cgcgcagggc gccctgggct gggagcaacg cgactgaccg 60
tggtcgtggg cggacggcgg ctgcagcgtg gaggagctgg ggtcgcgtgt ggtcgcgaac 120
agagcccggg acgtgcgcgc ttggtgcacg atcctgaagg ggagctccga ggggcccggg 180
tcgccagggc tgctgcggcc attcccggag cccggcgcgg ggcccgcgag atactggttt 240
aggccgtccc agggctccgg gcgcaccogg tggccgctgc tgcagcggag ggagcgcggc 300
ggcgcggggg gctcggagac agcgtttctc ccggaagtct tcctcgggca gcaggtggga 360
agtgggagcc ggagcggcag ctggcagcgt tctctccgca ggtcggcacc atgcgccctg 420
cagccctgcg cggggccctg ctgggctgcc tctgcctggc gttgctttgc ctgggcgggtg 480
cggacaagcg cctgcgtgac aaccatgagt ggaaaaaact aattatggtt cagcactggc 540
ctgagacagt atgcgagaaa attcaaaacg actgtagaga ccctccggat tactggacaa 600
tacatggact atggcccgat aaaagtgaag gatgtaatag atcgtggccc ttcaatttag 660
aagagattaa ggatcttttg ccagaaatga gggcatactg gcctgacgta attcactcgt 720
ttcccaatcg cagccgcttc tggaagcatg agtgggaaaa gcatgggacc tgcgcgcgcc 780
agggtggatgc gctcaactcc cagaagaagt actttggcag aagcctggaa ctctacaggg 840
agctggacct caacagtgtg cttctaaaat tggggataaa accatccatc aattactacc 900
aagttgcaga ttttaaagat gcccttgcca gagtatatgg agtgataccc aaaatccagt 960

```



```

gccttccacc aagccaggat gaggaagtac agacaattgg tcagatagaa ctgtgcctcal020
ctaagcaaga ccagcagctg caaaactgca ccgagccggg ggagcagccg tcccccaagc1080
aggaagtctg gctggcaaat ggggccgccc agagccgggg tctgagagtc tgtgaagatg1140
gcccagtctt ctatccccc ctaaaaaaga ccaagcattg atgcccagc tttggaaata1200
ttctgtttta aaaagcaaga gaaattcaca aactgcagct ttctaaaaaa caactccaaal260
gtgaagtctg tttattttgc tgtttcccct ccatgcctgt gaattgggtg ttgtgggtccc1320
tgtagagtga gtgcatgtgg cgtacacggg gggaaaggag ctctgccacg cctgggtggc1380
tgttttgggc ttgggataaa ggtcgcggga ttgtttaggg ttttttctct gttaaactct1440
tcagtgcctg ggtagatcag gcagggatac ttgggattta gacagggtgc accgggttcag1500
ggggactccg ctgggcggag gttttccccc tgggagccgg cttgcctgct ttggggaagg1560
ggccctggga aggc

```

1574

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 30:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 3070 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

## (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

## (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 30:

```

ccggagtgtg tttaatcggg tctgttctgt cctctccacc acccccaccc cctccctcc 60
ggtgtgtgtg ccgctgccgc gcgaccgccc agcctcgtca gcctgcgcag cccctcacag 120
gagggcccagc ccgagtgcag tccagaagcc cccccagcgg aggcgcgcaga gtaaaagagc 180
aagcttttgt gagataatcg aagaactttt ctcccccggt tgtttgttgg agtgggtgcc 240
ggtactgggt ttggagaact tgtctacaac cagggttgga ttttaaagat gtcttttttt 300
attttacttt tttttaagca ccaaattttg ttgttttttt tttttctccc ctccccacag 360
atcccatctc aaatcattct gttaccacc attccaacag gtcgaggaga gcttaaacac 420
cttcttcttc tgccttgttt ctcttttatt ttttattttt tcgcatcagt attaatgttt 480
ttgcatactt tgcattctta ttcaaaagtg taaactttct ttgtcaatct atggacatgc 540
ccatatatga aggagatggg tgggtcaaaa agggatatca aatgaagtga taggggtcac 600
aatggggaaa ttgaagtggg gcataacatt gccaaaatag tgtgccacta gaaatggtgt 660
aaaggctctt tttttttttt ttaaaagaaa agttattacc atgtattttg tgaggcagg 720
ttacaacact acaagtcttg agttaagaag gaaaggaggaa aaaagaaaaa acaccaatc 780
ccagatttaa aaaaaaaaaa acgatcatag tcttaggagt tcattttaa ccataggaa 840
tttcacttat ctcatgttag ctgtaccagt cagtgtattaa gtagaactac aagttgtata 900

```

```

ggctttattg tttattgctg gtttatgacc ttaataaagt gtaattatgt attaccagca 960
gggtgttttt aactgtgact attgtataaa aacaaatctt gatatccaga agcacatgaa1020
gtttgcaact ttccaccctg cccatttttg taaaactgca gtcactcttg accttttaaa1080
acacaaattt taaactcaac caagctgtga taagtggaaat gggtactgtt tatactgtgg1140
tatgtttttg attacagcag ataatgcttt cttttccagt cgtctttgag aataaaggaa1200
aaaaaatctt cagatgcaat ggttttgtgt agcatcttgt ctatcatgtt ttgtaaatat1260
tggagaagct ttgaccaatt tgacttagag atggaatgta actttgctta caaaaattgc1320
tattaaactc ctgcttaagg tgttctaatt ttctgtgagc aactaaaaag cgaaaaataa1380
atgtgaataa aatgtaaaaa attgttgtgt ttttttatgt tctaataata ctgagacttc1440
taggtcttag gttaattttt aggaagatct tgcattgccat caggagtaaa ttttatttgt1500
gttcttaatc tgaagttttc aagctctgaa attcataatc cgcagtgtca gattacgtag1560
aggaagatct tacaacattc catgtcaaat ctgttaccat ttattggcat ttagttttca1620
tttaagaatt gaacataatt attttttattg tagctatata gcatgtcaga tttaaatatt1680
tacaacaaaa ggggtgtgaa cctaagacta tttaaatgtc ttatgagaaa atttcataaa1740
gccattctct tgtcattcag gtccagaaac aaatttttaa ctgagtgaga gtctatagaa1800
tccatactgc agatgggtca tgaaatgtga ccaaatgtgt ttcaaaaatt gatgggtgat1860
tacctgctat tgtaattgct tagtgcttggt ctaatttcca aattattgca taatatgttc1920
taccttaaga aaacagggtt atgtaacaaa gtaatgggtg tgaatggatg atgtcagttc1980
atgggccttt agcatagttt taagcatcct tttttttttt tttttgaaag tgtgttagca2040
tcttggttact caaaggataa gacagacaat aatacttcac tgaatattaa taatctttac2100
tagtttacct cctctgctct ttgccaccgc ataactggat atcttttctt tcaaaggacc2160
ctaaactgat tgaaatttaa gatatgtatc aaaaacatta ttctatttaa tgcacatctg2220
ttttgctgtt ttgagcagt gtgcagttta gggttcatga taaatcattg aaccacatgt2280
gtaacaactg aatgccaaat cttaaaactca ttagaaaaat aacaaattag gttttgacac2340
gcattcttaa ttggaataat ggatcaaaaa tagtgggtca tgaccttacc aaacaccctt2400
gctactaata aaatcaaata acacttagaa gggtagtat ttttagttag ggtttcttga2460
tcttgaggga tgtttgaaag ttaaaaattg aatttggtaa ccaaaggact gatttatggg2520
tctttcctat cttaaccaac gttttcttag ttacctagat ggccaagtac agtgcctggg2580
atgtagtaag actcagtaaa aaagtggatt tttaaaaaata actcccaaag tgaatagtca2640
aaaatcctgt tagcaaactg ttatatattg ctaagtttgt tcttttaaca gctggaattt2700
attaagatgc attattttga ttttattcac tgcctaaaac actttgggtg gtattgatgg2760
agtgggtgga ttttcctcca agtgattaaa tgaaatttga cgtatctttt catccaaagt2820
tttgtagatc atgttttcta acggaaaaaa atgttaatat ggcttttttg tattactaaa2880
aatagctttg agattaagga aaaataaata actctgtgac agttcagtat tgtctattaa2940
atctgtattg gcagtatgta taatggcatt tgctgtgggt acaaaaatact tctctgggt3000
tataataatc atttgatcca attcctattg cttgtaaaaa aaagttttac cagttgatat3060
aaaaaaaaaa

```

3070

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 31 :

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2751 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

## (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

## (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:31:

```

tggggctgga gtgcactagt ctttttgctt ggtagttttg catggtttag ggtaaaaaat 60
aattccgaag atacaccagc tcacaaatga aaacgtcagc ctctgcgcca ccctccctcc 120
tgcccaaaag gaatttggtg ctcagaaaag aactgtttat accactcacc tttctcccag 180
catgtactca ctgtgggcag atgcaccaat acatggtaat cctcttactc attttaagac 240
gtaggaaact caatattctt ctctaaccaat atacgatagg gctcttcgct tttaatgata 300
tctgggattt ctgtggaact tggcaaattt tcagagcacc ttcaactaca taatgtcatt 360
tgaacctcac aatgttcttg ggatggagtc agttgttcag ggtccccgtg tgtgtgataa 420
gcagtgtctg ctggctgtct tcagaactct tggaaatctt tacacatgcg agtgctaacc 480
actttgagca aggtgcctt ctgttagatg acttgctgtt ctttatgaca gggatcagtg 540
gcatttgttt cctagcagta tttagcacct ttttgccacc ttggtgaaca gaaaattgta 600
ttttccgtgc tttcatggct gaaaacaaaa gaattgggaa ttttaaatac gtttgcagaa 660
actgcccctc ccctcattga gggtcactgc tcaagagtgc aggagtggac tctccactga 720
tgggtctccc tcccatacct ggtttccacc cgggctggc tagctctgtt ggtttgaaga 780
ctgacagcca gcctggctca ttctcattat tggctagtta gctttcttta tcaacctgct 840
cactcacaaa tgtgtgccct cagccagaga gtaagaaagc ccaaactctgt tacagcttct 900
aaaaaaatag atttctaatt tgtcctactc atgttaggag cattatcttt gaaggtaaaa 960
catagtgtat catttgttaa actcccaggc ttgatgtagc agaagagatc atttctggag 1020
gcttccgcaa tggaatttag cattataaga gagattggac aaaccagtc aaagtgggtcc 1080
gagttcttaa atccaggtag ggaactcact cttctttctt ctctggacct aattgggcat 1140
tgggctttag tgagaccaca gaccaggccc gtctctcctg taggctttta attcaatggc 1200
aactctatth caaagaataa aagcctttgg agagtgcgg cagttctggg ggcgggctca 1260
ggagagtcca tagatcagcc gtaactggaa cgtagaatct acgtctgcct ctgaatggac 1320
ttcccacctc ctctctcttg ctctgatgct tgcctctggg cctctccatg cccaagggtg 1380
tctttcatcc ttgacaggct ggtaatgtgc tggccacctc cagctcctgc atcgagtctg 1440
taaaccagag ctggttctca tggccttcgt cacgatacca ggatacggag gggagcccag 1500
ggccatccat acccacccca ggtaacggg gctggcctgg cattagtcac tatttagttt 1560
ccaggccaac catccagata gagattccct ctttcttttg agcagtgtc tcaagagctc 1620
cgtgcctgtc cacaatgacc tagagtgcac cctgtctatt gtcagtgtag cccctcgccc 1680
ctatatctat ccaggatact tggaaagtgt aaaataggaa gggattcggc tttcaacttt 1740
gctaccatct tccctgaagc aggaaaatga acatggactt aaatgttctt tgaaaaaac 1800
aaagtthtaa gatttgctgt gtgatgaagt gacaggagg ggcggagtca gcagggtgcc 1860
gactttctgt tctgtctgcc atgggtttgt ccagctcagg tagctctagg agcaccatcc 1920
tgccctagca gageccaggc cttgccctca tgaagcatca ttgaaatagc aggagcatgt 1980
tgatttcttg gttaggttgc attataataa caagagttag aacattaatt cgaaacaact 2040
tgcagtatgc atttcttcac accagtacat tcttaagtgt acttgtttat aagggaataa 2100
ataaactaat ctgtaccttt atatatatgt gtgtgtacat atatacatat ataaactgta 2160
tagtgtacat ggtaatgatt tattgctatg cccagatcc ttaatgtagt tctcatcctc 2220
cgcatgccct cageccaaag cgggtgactg actgttcctt gatgatttg cccacctcct 2280
gtgtttggac ctctagggag gaggtttttg gtcatactct ccttatcctc gtgcacagaa 2340
atgctcaggg tccccatgtg cctgttgttc agccctctct cttgttccct ttctgagcat 2400
gtgttccttc cccaggctgt gggacagctg ccttcccacg aaagtgtaaa cagataataa 2460
gatcattact gcatgtgccc taaaaacca agttttctat tcccttagga cagaaaaatt 2520
catgtgaggt gggataatcg agtttcagtg acccacgtca gttacacatt aaagccagac 2580
cccatgataa aattccacaa aatggaaata aaactcaaat ttcttttagc ttgtgtaaat 2640
aaatctgaat gtgtttaact ttgtactggg aattttctgt atatttgga tatttgggtt 2700
aaaaataaaa cagactggac tttgttacct gacctactga aaaaaaaaaa a 2751

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 33:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 890 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 33:

```

ggcgggcgggg agggggggggg cggatgcggg gacagcggcc tggctaactc ctgccaggca 60
gtgcccttcc cggagcgtgc cctcgccgct gagctcccct gaacagcagc tgcagcagcc 120
atggccccgc cctgggtgcc cgccatgggc ttcacgctgg cgcccagcct ggggtgcttc 180
gtgggctccc gctttgtcca cggcgagggt ctcgctggt acgcccgcct gcagaagccc 240
tcgtggcacc cgccccactg ggtgctgggc cctgtctggg gcacgctcta ctcagccatg 300
gggtacggct cctacctggt ctggaaagag ctgggaggct tcacagagaa ggctgtggtt 360
cccctgggccc tctacactgg gcagctggcc ctgaactggg catggccccc catcttcttt 420
ggtgcccgcac aaatgggctg ggccttgggt gatctcctgc tggtcagtgg ggcggcggca 480
gcactaccgt ggccctggta caggtgagcc cgctggccgc ccgcctgctc taccctacc 540
tggcctggct ggccctcgcg accacactca actactgct atggcgggac aaccatggct 600
ggcgtggggg acggcggtg ccagagtgg tgcccggccc accagggact gcagctgcac 660
cagcaggtgc catcacgctt gtgatgtgt ggccgtcacg ctttcatgac cactgggcct 720
gctagtctgt cagggccttg gccaggggt cagcagagct tcagagggtg cccacactga 780
gccccacccc gggagcagtg tctgtgctt tctgcatgct tagagcatgt tcttggaaca 840
tggaatttta taagctgaat aaagtttttg acttccttta aaaaaaaaaa 890

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 35:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 693 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 35:

```

cgcccccca tccggggcgtt tgcctgcagc aagatggcgg cggtctcaat gtcagtggta 60
ctgaggcaga cgttggtggcg gagaaggcca gtggctgtag ctgcccttc cgtttccagg 120
gttccgacca ggtcgttgag gacttccaca tggagattgg cacaggacca gactcaagac 180
acacaactca taacagttga tgaaaaattg gatataccta ctttaactgg cgttccagaa 240
gagcatataa aaactagaaa agtcaggatc tttgttcctg ctgcgaataa catgcagtct 300
ggagtaaaca acacaaagaa atggaagatg gagtttgata ccaggagcgg atgggaaaat 360
cctttgatgg gttgggcac cgcggctgat cccttatcca acatgggtt aaccttcagt 420
actaaagaag atgcagtttc ctttgcagaa aaaaatggat ggagctatga cattgaagag 480
aggaagggtt caaaacccaa gtccaagtct tatggtgcaa acttttcttg gaacaaaaga 540
acaagagtat ccacaaaata ggttggcact gactatatct ctgcttgact gtgaataaag 600
tcagctatgc agtatttata gtccatgtat aataaatata tctcttaac tcctaataaa 660
ttggaccttt aaactacaaa aaaaaaaaaa aaa 693

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 36:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1054 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 36:

```

gcagctcacg cgactgctgc agccggcgct gggcccaggc accaccgcgg tgctgctgct 60
gcagatctcc acgcgggccgg aggatctcgg ggagacagtc tgctccctca agttcgccga 120
ccgagtgggt caagtggagc tggggccagc ccggcgccgc agggctccgc gtcctccgg 180
gacgccttct tccctcagca ccgacactcc gtcaccggg acccctgca cccctacgcc 240
gtccctggc agtcctccat gcccagtc cgacaacggc tcgggctcgg ctctcgcgcc 300
cgcagagggc ctgcccctct agtcctgggt cgcggccctg cccatggggg ctcaggccag 360
gtctctgctg gcagaggcgg tagtaaagtc cctgtacccc gtctcccagg gcacaagctc 420
cctagcctct ttggatccat tgcccctgag ctcccagagt gaccctcca cctccgcagc 480
cagtgaagtg tgttgctgct gctgaagtga tcaccccccg ccccagccc tgcatcaggc 540
cacaggtctt ggttttctcc ttatcaccat ttgctgttat cacggcacac agcagggaat 600
cccaggcccc ccggccaagt ggttacccaa gtcaccactc ctgacccaaa aatcaggcat 660
ggcattaaaa cgttgcaaat tcctttactg ttatccccc caccaccagg accatgtagg 720
gtgcagctct tactccctaa ccggtttccc gaaaaagggt ctacctctt tccagacaga 780
tgagagaggg caggacttca ggctggatcc accactgggc tctccctccc ccagcctgga 840
gcacgggagg ggaggtgacg gctgggtgact gatggatggg tagtgggctg agaagagggg 900
actaggaagg gctattccag gctcagccct gtcctgcag ctttgccgct gagtgtagga 960
aaaacaggca tgacagacca gggtaggggt tgtgcccagc tgggccacgg ccatgcgtgg 1020
ggtggcccaa taaacaccgt ggactcccaa aaaa 1054

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 37:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 541 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 37:

```

aaaaatattt gctggaaagg acggtgggag gattacaggc gtgagccact gcgcccggcc 60
acattcagtt cttatcaaag aaataaccca gacttaatct tgaatgatac gattatgccc 120
aatattaagt aaaaaatata agaaaagggt atcttaataa gatcttaggc aaaataccag 180
ctgatgaagg catctgatgc cttcatctgt tcagtcattt ccaaaaacag taaaaataac 240
cactttttgt tgggcaatat gaaattttta aaggagtaga ataccaaatg atagaaacag 300
actgcctgaa ttgagaattt tgatttttta aagtgtgttt ctttctaaat tgctgttcct 360

```

```

caatttgatt aatttaattc atgtattatg attaaatctg aggcagatga gcttacaagt 420
attgaaataa ttactaatta atcacaaatg tgaagttagt catgatgtaa aaaatacaaa 480
cattctaatt aaaggctttg caacacaaaa gaaagaaaaa aagaaaagaa aagggaaagg 540
g                                                    541

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 38:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1187 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 38:

```

cggctcgagg ccattcacca acccggcccg caaggacgga gcaatgttct tccactggcg 60
acgtgcagcg gaggagggca aggactaccc ctttgccagg ttcaataaga ctgtgcaggt 120
gcctgtgtac tcggagcagg agtaccagct ttatctccac gatgatgctt ggactaaggc 180
agaaactgac cacctctttg acctcagccg ccgctttgac ctgctgtttt ttgttatcca 240
tgaccggtat gaccaccagc agttcaagaa gcgttctgtg gaagacctga aggagcggta 300
ctaccacatc tgtgctaagc ttgccaacgt gcgggctgtg ccaggcacag accttaagat 360
accagtattt gatgctgggc acgaacgacg gcggaaggaa cagcttgagc gtctctacaa 420
ccggacccca gagcaggtgg cagaggagga gtacctgcta caggagctgc gcaagattga 480
ggcccggaag aaggagcggg agaaacgcag ccaggacctg cagaagctga tcacagcggc 540
agacaccact gcagagcagc ggcgcacgga acgcaaggcc cccaaaaaga agctacccca 600
gaaaaaggag gctgagaagc cggctgttcc tgagactgca ggcatcaagt ttccagactt 660
caagtctgca ggtgtcacgc tgcggagcca acggatgaag ctgccaaagt ctgtgggaca 720
gaagaagatc aaggccctgg aacagatgct gctggagctt ggtgtggagc tgagcccgac 780
acctacggag gagctggtgc acatgttcaa tgagctgcga aggacctggt gctgctctac 840
gagctcaagc aggcctgtgc caactgcgag tatgagctgc agatgctgag gcaccgtcat 900
gaggcactgg cccgggctgg tgtgctaggg ggccctgcca caccagcatc agggccaggc 960
ccggcctctg ctgagccggc agtgactgaa cccggacttg gtcctgacct caaggacacc1020
atcattgatg tggtagggcg acccctcacg cccaattcga gaaagcgacg ggagtcggcc1080
tccagctcat cttccgtgaa gaaagccaag aagccgtgag agggcccacg ggggtgtgggc1140
gacgctgtta tgtaaataga gctgctgagt tggaaaaaaa aaaaaaa 1187

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 39:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2281 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 39:

```

gggtagaagt cggtagagcc agaaactcac ttttgatggt ggtgtgcccc tagtggcgag 60
ctggattcta aatcgtgccc tttattccct gcagccctga agttcagtc atcttgaaga 120
tctcccaacc tcaggagcct gagcttatga atgccaaacc ttctcctcca ccaagtcctt 180
ctcagcaaat caaccttggc cgcgtcgtcca atcctcatgc taaaccatct gactttcact 240
tcttgaaagt gatcggaag ggcagttttg gaaaggttct tctagcaaga cacaaggcag 300
aagaagtgtt ctatgcagtc aaagtgtttac agaagaaagc aatcctgaaa aagaaagagg 360
agaagcatat tatgtcggag cggaatgttc tgttgaagaa tgtgaagcac cctttcctgg 420
tgggccttca cttctctttc cagactgctg acaaattgta ctttgtccta gactacatta 480
atggtggaga gttgttctac catctccaga gggaacgctg cttcctggaa ccacgggctc 540
gtttctatgc tgctgaaata gccagtgcct tgggctacct gcattcactg aacatcggtt 600
atagagactt aaaaccagag aatattttgc tagattcaca gggacacatt gtccttactg 660
acttcggact ctgcaaggag aacattgaac acaacagcac aacatccacc ttctgtggca 720
cgccggagta tctcgcaact gaggtgcttc ataagcagcc ttatgacagg actgtggact 780
ggtggtgcct gggagctgtc ttgtatgaga tgctgtatgg cctgccgcct ttttatagcc 840
gaaacacagc tgaatgtac gacaacattc tgaacaagcc tctccagctg aaaccaaata 900
ttacaaattc cgcaagacac ctccctggag gcctcctgca gaaggacagg acaaaagcggc 960
tcggggccaa ggatgacttc atggagatta agagtcatgt cttcttctcc ttaattaaact 1020
gggatgatct cattaataag aagattactc ccccttttaa cccaaatgtg agtgggcccc 1080
acgacctacg gcactttgac cccgagttaa ccgaagagcc tgtccccaac tccattggca 1140
agtcccctga cagcgtcctc gtcacagcca gcgtcaagga agctgccgag gctttcctag 1200
gcttttctta tgcgctccc acggactcct tcctctgaac cctgttaggg cttggtttta 1260
aaggatttta tgtgtgtttc cgaatgtttt agttagcctt ttggtggagc cgccagctga 1320
caggacatct tacaagagaa tttgcacatc tctggaagct tagcaatctt attgcacact 1380
gttcgctgga agctttttga agagcacatt ctccctcagt agctcatgag gttttcattt 1440
ttattcttcc ttccaacgtg gtgctatctc tgaaacgagc gtttagagtgc cgccttagac 1500
ggaggcagga gtttcgttag aaagcggacg ctgttctaaa aaaggtctcc tgcatctgt 1560
tctgggctgt gatgacgaat attatgaaat gtgccttttc tgaagagatt gtgttagctc 1620
caaagctttt cctatcgagc tgtttcagtt ctttattttc ccttgtggat atgctgtgtg 1680
aaccgtcgtg tgagtgtggt atgcctgac acagatggat tttgttataa gcatcaatgt 1740

```



```

gacacttgca ggacactaca acgtgggaca ttgtttgttt cttccatatt tggagataa1800
atztatgtgt agactttttt gtaagatacg gtaataaact aaaattttatt gaaatgggtct1860
tgcaatgact cgtattcaga tgcttaaaga aagcattgct gctacaaata tttctatttt1920
tagaaagggt ttttatggac caatgccccca gttgtcagtc agagccgttg gtgtttttca1980
ttgtttaaaa tgtcacctgt aaaatgggca ttatttatgt tttttttttt gcattcctga2040
taattgtatg tattgtataa agaacgtctg tacattgggt tataacacta gtatatattaa2100
acttacaggc ttatttgtaa tgtaaacacc catttttaatg tactgtaatt aacatgggta2160
taatacgtac aatccttccc tcatcccatc acacaacttt ttttgtgtgt gataaactga2220
ttttgggttg caataaaacc ttgaaaaata tttaaaaaaa aaaaaaaaaa ggggcggccg2280
c                                                                 2281

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:40 :

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1759 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 40:

```

gcggcgggcg ttgaactgac tcggagcgag gagacccgag cgagcagacg cggccctggc 60
gccccgacct cgactcacc atggcgatgc atttcattct ctcagataca gcggtgcttc 120
tgtttgattt ctggagtgtc cacagtcctg ctggcatggc cctttcgggtg ttggtgctcc 180
tgcttctggc tgtactgtat gaaggcatca aggttggcaa agccaagctg ctcaaccagg 240
tactggtgaa cctgccaaac tccatcagcc agcagacccat cgagagaca gacggggact 300
ctgcaggctc agattcattc cctgttggca gaaccacca cagggtggtat ttgtgtcact 360
ttggccagtc tctaattccat gtcattcagg tggtcattcg ctacttcac atgctggccg 420
taatgtccta caacacctgg attttccttg gtgtggtctt gggctctgct gtgggctact 480
acctagctta cccacttctc agcacagctt agctggtgag gaacgtgcag gcactgaggc 540
tggagggaca tggagcccc tcttcagac actatacttc caactgccct tcttctgat 600
ggctattcct ccaccttatt cccagccctt ggaaactttg agctgaagcc agcacttgct 660
ccttgaggtt cggaagccat tgcagcaacc ttccttctca gccagcctac ataggccca 720
ggcatggtct tgtgtcttaa gacagctgct gtgaccaaag ggagaatgga gataacaggg 780
gtggcagggt tactgagccc atgacaatgc ttctctgtga ctcaaaccag gaatttccaa 840
agatttcaag ccaggagaa gggttcttgg tgatgcaggg catggaacct ggacaccctc 900
agctctcctg ctttgtgcct tatctacagg agcatcgccc attggacttc ctgacctctt 960

```

```

ctgtctttga gggacagaga ccaagctaga tcctttttct cacctttctg cctttggaac1020
acatgaagat catctcgtct atggatcatg ttgacaaact aagttttttt tattttttccc1080
attgaactcc tagttggcaa ttttgacat tcatacaaaa aaatttttaa tgaaatgatt1140
tcattgatcc atgatggatg gcagaaactg ctgagaccta tttccctttc ttggggagag1200
aataagtac agctgattaa aggcagagac acaggactgc tttcaggctc ctggtttatt1260
ctctgataga ctgagctcct tccaccagaa ggcactgcct gcaggaagaa gatgatctga1320
tggtcgtggg tgtctgggaa gctcttcgtg gcctcaatgc cctcctttat cctcatcttt1380
cttctatgca gaacaaaaag ctgcatctaa taatgttcaa tacttaatat tctctatttt1440
ttacttactg cttactcgta atgatctagt ggggaaacat gattcattca cttaaaatac1500
tgattaagcc atggcaggta ctgactgaag atgcaatcca accaaagcca ttacattttt1560
tgagttagat gggactctct ggatagttga acctcttcac tttataaaaa aggaaagaga1620
gaaaatcact gctgtatact aaatacctca cagattagat gaaaagatgg ttgtaagctt1680
tggaatttaa aaacaaacaa atacatttta gtaatatat aaatttttaa tagaaaaaa1740
agaaaaaagt agcaggggt

```

1759

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 41:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1447 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 41:

```

ggctctacctc tggggataac cgtcccagtt gccagagaaa caataacgtc attattttaat 60
aagtcacggtg tgattgggtcc gccctcgagg ttaatcttaa aagcccaggt taccgcgga 120
aatttatgct gtccgggtcac cgtgacaatg cagctgagga accagaact acatctgggc 180
tgogcgcttg cgcttcgctt cctggccctc gtttcctggg acatccctgg ggctagagca 240
ctggacaatg gattggcaag gacgcctacc atgggctggc tgcactggga gcgcttcag 300
tgcaaccttg actgccagga agagccagat tcctgcatca gtgagaagct cttcatggag 360
atggcagagc tcatgggtctc agaaggctgg aaggatgcag gttatgagta cctctgcatt 420
gatgactggt ggatgggtcc ccaaagagat tcagaaggca gacttcaggc agaccctcag 480
cgctttcctc atgggattcg ccagctagct aattatgttc acagcaaagg actgaageta 540
gggatttatg cagatggttg aaataaaaacc tgcgcaggct tccctgggag ttttggtatc 600
tacgacattg atgcccagac ctttgctgac tggggagtag atctgctaaa atttgatggt 660
tgttactgtg acagtttgga aaatttgga gatggttata agcacatgtc cttggccctg 720
aataggactg gcagaagcat tgtgtactcc tgtgagtggc ctctttatat gtggcccttt 780

```

```

caaaagccca attatacaga aatccgacag tactgcaatc actggcgaaa ttttgctgac 840
attgatgatt cctggaaaag tataaagagt atcttggact ggacatcttt taaccaggag 900
agaattgttg atgttgctgg accagggggg tggaatgacc cagatatgtt agtgattggc 960
aactttggcc tcagctggaa tcagcaagta actcagatgg ccctctgggc tatcatggct 1020
gtccttttat tcatgtctaa tgacctccga cacatcagcc ctcaagccaa agctctcctt 1080
caggataaag acgtaattgc catcaatcag gaccccttgg gcaagcaagg gtaccagctt 1140
agacagggag acaactttga agtggtggaa cgacctctct caggcttagc ctgggctgtal 1200
gctatgataa accggcagga gattggtgga cctcgtctct ataccatcgc agttgcttcc 1260
ctgggtaaaag gagggtgctg taatcctgcc tgcttcatca cacagctcct ccctgtgaaa 1320
aggaagctag ggttctatga atggacttca aggttaagaa gtcacataaa tcccacaggc 1380
actgttttgc ttcagctaga aaatacaatg cagatgtcat taaaagactt actttaaaat 1440
gtttaaa
1447

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 42:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 831 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 42:

```

ggagtccttc ttgtcacccc ttgacttggg aaaaccagtt tctcttttat tgtctgttac 60
taatctctat tctaaaaaatt cagctcaatt ctcaaccata ctccaaactc tctcttttcc 120
agctaccttt actccctctc cttcaattcc actttcctct gcttactttt ttttttttcc 180
tgacaggggtc tcactttgtc gcccgggcag gagtgcagtg gctcaatctt gggctcactg 240
cagcctcaac ctcccagagg cggggtttca ccatgttgcc cagactggtc ttgaactcct 300
gagcttaagc aatccacctg cctcggcctc ccaaagtgtt gggatcacag gcgtgagcaa 360
ccgcatccgg cctcatgttc tttttcatta aagagagaaa tcaactattc aggaccggcc 420
cccacctttc ctcaggagtc atttctgttc cgcacaggcc tgctgaactg ggtgctttat 480
ataggatttc agtggagtga agttcaggag gcatggagct gacaaccatg aggctcggc 540
agccaccgcc accaccgccg ccgccaccac cgtagcagca gcagcagcag cagcagcagc 600
agcagcagca gcaagagtaa ctctgactta ggaatagaga cagccagaga gaaatgtgat 660
caatgaagga gacatctgga gtgtgcgtgc ttcttcagag ggacgggtga tgggcagatt 720
ggaaaaagca ccgcagatgg gaaccttaat ctttcttttc taaaattgat gctatgaaaa 780
tttgcgtttt ctgtaacttg taaaaactaa aagttgcccg tctactgaaa a 831

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 43:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 528 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 43:

```

acgaagctga ctccctggcca ggccagcccc tggttcccta cccatacccc tgtgagcttg 60
cgagctcac gccttacctc cctccctctg gtctgcagat ctctcacttc aagattccga 120
agtacatcgt gtttgtcaca aactaccccc tcaccatttc aggaaagatc cagaaattca 180
aacttcgaga gcagatggaa cgacatctaa atctgtgaat aaagcagcag gcctgtcctg 240
gccggttggc ttgactctct cctgtcagaa tgcaacctgg ctttatgcac ctgatgtcc 300
ccagcaccca gttctgagcc aggcacatca aatgtcaagg aattgactga acgaactaag 360
agctcctgga tgggtccggg aactcgcctg ggcacaaggt gccaaaaggc aggcagcctg 420
cccaggccct ccctcctgtc catccccac attcccctgt ctgtccttgt gatttggcac 480
aaagagcttc tgttttcttt ggctaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 528

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 44:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1027 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:44 :

```

ggctttgtcc tttgtcctg ctccccgtgg accatgggac cttaaagcgt tgcaggttcc 60
tgatttggac agaggtgtgg ggccctccag gccgttacat acctcctgcc aattctctaa 120
ctctctgaga ctgcgaggat ctccaggcag ggttctcacc tctggagtct gaccaattac 180
ttcattttgc ttcaaattggc caattgtgca gagggacaaa gccacagcca cactcttcaa 240
cggttaccaa actgtttttg gaaattcaca ccaaggctcg gccactgca ggcagctggc 300
acacgtggcc cgaggggctg tggaaacgggt cccggaactg tcagacatgt ttgattttag 360
cgtttccttt gttcttcaaa tcagggtgcc aaataagtga tcagcacagc tgcttccaaa 420
taggagaaac cataaaatag gatgaaaatc aagtaaaatg caaagatgtc cacactgttt 480
taaacttgac cctgatgaaa atgtgagcac tgtagcaga tgcctatggg agaggaaaag 540
cgtatctgaa aatgggtccag gacaggagga tgaaatgaga tcccagagtc ctcacacctg 600
aatgaattat acatgtgcct taccagggtga gtggtctttc gaagataaaa aactctagtc 660
cctttaaacg tttgcccctg gcgtttccta agtacgaaa gggtttttaag tcttcgaaca 720
gtctcctttc atgactttta caggattctg cccctgagg tgtaattttt ttgttctatt 780
tttttccacg tactccacag ccaacatcac gaggtgtaat ttttaatttg atcagaactg 840
ttaccaaaaa acaactgtca gttttattga gatgggaaaa atgtaaacct atttttatta 900
cttaagactt tatgggagag attagacact ggaggttttt aacagaacgt gtatttatta 960
atgttcaaaa cactggaatt acaaatgaga agagtctaca ataaattaag atttttgaat 1020
ttaaaaa
1027

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 45:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2160 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:45 :

```

acttcctcca agtgataatc cagattttga tccagaagag gatgaaccac gcttgaggcc 60
tcttggcctc acatacagtt ggtatatgaa ttcttcttga gatttttgga gagccctgat 120
ttccagccta gcattgcaaa acgatacatt gatcagaaat tcgtacaaca gctcctggag 180
ctttttgata gtgaagatcc cagagaacgt gacttcttga agactgttct gcaccgaatt 240
tatgggaaat ttcttggatt aagagcattc atcagaaaac aaattaacaa cattttcctc 300
aggtttatat atgaaacaga acattttcaat ggtgttgctg aacttcttga aatattagga 360
agtattatca atggctttgc attgccactg aaagcagaac ataaacaatt tctaatagaag 420
gttcttattc ctatgcatac tgcaaaagga ttagctttgt ttcattgctca gctagcatat 480
tgtgtgtgac agttccttga gaaagataca acactaacag agccagtgat cagaggactg 540
ctgaaatttt ggccaaaaac ctgcagtcag aaagagggtg tgttttttagg agaaattgaa 600
gaaatcttag atgtcattga accaacacag ttcaaaaaaa ttgaagagcc acttttcaag 660
cagatatcca agtgtgtatc cagttctcat ttccagggtg cagaaagggc attgtacttc 720
tggaataacg aatataattct tagtttgatt gaggagaaca ttgataaaat tctgccaat 780
atgtttgcca gttgtgataa aattttcaaa gaacactgga atccgacct tgtagcactg 840
gtatacaatg tctgaaaaac cctaattggaa atgaatggca agcttttctga tgaccttact 900
agctcataca aagctgaaag acagagagag aaaaagaagg aattggaacg tgaagaatta 960
tggaaaaaat tagaggagct aaagctaaag aaagctctag aaaaacagaa tagtgcttac1020
aacatgcaca gtattctcag caatacaagt gccgaataaa aaaaaagcct cccacctctg1080
ccggataggc agagttttgt atgctttttt gaaatatgta aaaattacaa aacaaacctc1140
atcagtataa tataattaaa aggccaat 1140
ggactaaacg tagccctgtg ctgtatcatg gccatagtat attgtaacct ttgtctaact1260
attggattta ttgtgtcact tctgaagttt cacagaaatg aatgaatttt atcatctatg1320
atatgagtga gataattatg ggagtggtaa gaattatgac ttgaattctt ctttgattgt1380
gttgccacata gatatggtag tctgctctgt atatttttcc cttttataat gtgcttttca1440
cactgctgca aaccttagtt acatcctagg aaaaaatact tcctaaaaata aaactaaggt1500
atcatcctta cccttctctt tgtctcacc cagaaatatga tggggggaat tacctgccct1560
aaccctctcc tcaataaata cattactgta ctctggaatt taggcaaaac cttaaatctc1620
caggcttttt aaagcacaaa atataaataa aagctgggaa agtaaaccaa aattcttcag1680
attgttcctc atgaatatcc cccttctctt gcaattctcc agagtggtaa cagatgggtal740
gaggcagctc aggtgaatta ccagcttgc ctctcaattc attcctctc ttcctctcaal800
aggctgaagg cagggccttt ccagtcctca caacctgtcc ttcacctagt cctcctgac1860
ccaggggatg aggttttgag tcccacagtg tgggtgataca gagcactagt tgtcactgcc1920
tggttttatt taaaggaaat gcagtaggct tcctctgtag agctctgaaa aggttgacta1980
tatagaggtc ttgtatgttt ttacttggtc aagtatttct cacatctttt gttatcagag2040
taccattcca atctcttaac ttgcagttgt gtggaaaact gttttgtaat gaaagatctt2100
cattggggga ttgagcagca ttaataaaag tctatgtttg tattttgcct taaaaaaa2160

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 46:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 642 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

## (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:46 :

```

cgacggggcg cgcgccctggc gcatgcgcgc cggcgaccac gcctaaatag ccgcagcctc 60
tgcgcgtcgc cctccacggt taccgccgct ctccgcccct cttctcgcg gcgctcgagg 120
gaccatggcc gatcctcgcg tgagacagat caagatcaag accggcgtgg tgaagcggtt 180
ggtaaagaa aaagtgatgt atgaaaaaga ggcaaaacaa caagaagaaa agattgaaaa 240
aatgagagct gaagacggtg aaaattatga cattaaaaag caggcagaga tcctacaaga 300
atccaggatg atgatcccag attgccagcg caggttggaa gccgcataatt tggatcttca 360
acggatacta gaaaatgaaa aagacttggg agaagctgag gaatataaag aagcacgttt 420
agtactggat tcagtgaagt tagaagcctg aaacttttct cgtatggggg ggtttttgca 480
ttaaatcctg ggtccattt tacaatccat tatttttgac cactgctaatt tgtggtcaag 540
gaggggatgag gaattgtcga ttggttttta gctgggttaca atataagatt cgtttgcgta 600
atttgacaat gcaaagaaaa tgggggcacc cgattaaaaa aa 642

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 47:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1415 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:47 :

```

ggcatctggc agaggggggt ggggctgggc cagctggggg agagcggagg agcgggtgcc 60
ggctgaagcg gggcggtggg cgcgagcgca atgggggcac cgacaccact cctcaccggc 120
agccgggtgc tgagggccgc ggtgtgggtg cgcgacagc cagggcgagc gtgggcagcg 180
cgcacggcct gccagcccgg ggcgccagaa tcctgcgctg cggggccgag aggggcgccc 240

```

```

cgcccgccgc agcctggagc tttccgcgaa cctcggggcg cccatgacgg cggcggcgac 300
ggctaccgtg ctcaaggagg gcgtgctgga gaagcgagg gcggggctgc tgcagctgtg 360
gaagcggaac gctgcgtcct caccgaacgc gggctgcagc tcttcgaggc caagggcacg 420
ggcggccggc ccaaggagct cagcttcgcc cgcataagg ccgtggagtg cgtggagagc 480
accgggcgcc acatctactt cagctgtgtg accgaagggg cggcgagatc gacttcctgt 540
gccccctgga agatcccggc tggaacgcc agatcaccct aggcctggtc aagttcaaga 600
accagcaggc catccagaca gtgcggggcc ggagagcct cgggaccggg accctcgtgt 660
cctaaaccac cgggcgcacc atctttcctt catgctaccc accacctcag tgetgaggtc 720
aaggcagctt cgttgttccc tctggcttgt gggggcacgg ctgtgtctca tgtggcaagg 780
tggaaggcat ggacgtgtgg aggaggcgt ggagctgaag gaatggacga gccctgggag 840
gagggcagaa ggctacgcag ggctgaggat gaagatgcag cccctggatg gtcccagact 900
ctcaggacat gccagctca ggggcttcga gccacaggcc tggcctcata tggcatgagg 960
gggagctggc ataggagccc cctccctgtc gtggtcctgc cctctgtcct gcagactgct1020
cttagcccc tggtttgtg ccaggcctgg aggaggcag tccccatgg ggtgccgagc1080
caacgcctca ggaatcagga ggccagcctg gtacaaaag gaggaccag ggcctggtac1140
ccaggcccc tccagaatgg cctctggact cacttgaga agggggagct gctgggccta1200
aagcccactc ctgggggtct cctgctgctt aggtcctttt gggaccccca cccatccagg1260
ccctttcttt gcacacttct tccccacct ctacgcattc tccccccact gcggtgttcg1320
gcctgaagggt ggtgggggtg agggggggtt tggccattag catttcattg ctttccccaa1380
atgaagatgc cctgcaaagg gcagtaacca caaaa 1415

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 48:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2949 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:48 :

```

gcgcaggcgc agtggtgagc ggcaacatgg cgtccaggtc taagcggcgt gccgtggaaa 60
gtgggggtcc gcagccgcgc gatccccag tccagcgcca cgaggaagag gaaaaagaag 120
tcgaaaatga ggatgaagac gatgatgaca gtgacaagga aaaggatgaa gaggacgagg 180
tcattgacga ggaagtgaat attgaatttg aagcttattc cctatcagat aatgattatg 240
acggaattaa gaaattactg cagcagcttt ttctaaaggc tcctgtgaac actgcagaac 300
taacagatct cttaattcaa cagaaccata ttgggagtgt gattaagcaa acggatgttt 360

```



```

cagaagacag caatgatgat atggatgaag atgagggtttt tgggtttcata agccttttaa 420
atttaactga aagaaagggt acccagtggt ttgaacaaat tcaagagttg gttctacgct 480
tctgtgagaa gaactgtgaa aagagcatgg ttgaacagct ggacaagttt taaatgaca 540
ccaccaagcc tgtgggcctt ctcctaagtg aaagattcat taatgtccct ccacagatcg 600
ctctgcccac gtaccagcag cttcagaaag aactggcggg ggcacacaga accaataagc 660
catgtgggaa gtgtactttt taccttctga ttagtaagac atttgtggaa gcaggaaaaa 720
acaattccaa aaagaaacct agcaacaaaa agaaagctgc gttaatgttt gcaaatgcag 780
aggaagaatt tttctatgag aaggcaattc tcaagttcaa ctactcagtg caggaggaga 840
gcgacacttg tctgggaggg aaatggtctt ttgatgacgt accaatgacg cccttgcgaa 900
ctgtgatgtt aattccaggc gacaagatga acgaaatcat ggataaactg aaagaatata 960
tatctgtcta acccatttcc aatggacagt gatgggcttg tttttgtaaa attaccagaa1020
aactcagtg agatttactg aaaaactcag actttattca gattaagtcc ctctacaaaa1080
agtaggggtt tgtcccatgt gtctctgaca cttttacaaa ataccagttt tttaaaattt1140
tgggtcaaat atgagtgggt gatttaaaaa cttttccaag aagaagaaaa gcatggagtc1200
gtaatttaaa gaactcaata aaaacttcta ttttttattt taaaataata tacacagtg1260
tattttcttc aagaccgtcc tgtggatgtg aaatccgtct tgcgctcatg tatctcccat1320
atccagcagt tcagccatcc agctaccttt gggaccctgc tgcaccttgt gtttgctggg1380
gagtcactgg agagtgcac tctgttcagt ttcagggcac gtctcacaca tttgctgttc1440
cttattcatt gttgacacag gggataggtg atccactact tgcgttagaa tgccttact1500
ttcactagga ggcagattac tgaaatagta ttgtgtacc agctgcataa atagttcagg1560
agagatttct gaggtaatcc tgatgtagtt gttctcagaa atgctgaatt tatggaagaa1620
gacccactct ggcacttctt tggtgattga gtaaccagac aggggatgca gctgagcaac1680
ctgcttatgt gtcagcatta agtagttacc tgatccatca acatcccag caatctgcat1740
aaagtaaccg gacagaagag ctttctttat gtttagagtg ttttccttg agccaaaagc1800
aggttctgca tagggaagct cgattcgctt gataatttct aagagttcag ctcgaataac1860
atctgccatt ctgagtgtg aacagttgag gaagtaatca cgacaccact tttccacaca1920
gtactcactg ctagaattca gattgtgtc ttggttaagc ttgtaaagc tgatgagggt1980
aaagtgatct ctttcgggat gtaaaaatgt cttccaacaa gtcaaggcag cctcttcagc2040
tccatgtggc acatgtgaaa agcaatttgg agctgttacc atggccgca ttgttagcac2100
ttcatctaca cagtcaaatt cacaggacgc taagatagac ttcgagagtt gtggatcaag2160
aggaaactct gacatgatga ttccaaattc agaaagattt ccatcattat ccagtgtgc2220
cagataatct aagtcttcca atgcctgcat caaactttct ggtgctggtc tgttcatgaa2280
gtcacagtgg cctaggcccg caatgtctat cctcttcata aaaagcacca tgcttggttag2340
gttggtcttc tgcatttctg ctggcttcag tggcgctcatg tctttggagg caaattcttc2400
agtgtacagg cagaaaaatt ttcctgaaga agatgagcca agaactctgt tgcgtatctc2460
tgccgtggctc tggctgatgg gctgcatgac gagcgagttt gctcttattc tcgggttgta2520
cacctttctt ctttccacac ccacatcgat aacaaatctg actgagttgc tccagatcaa2580
aaactctcca gagctagtag ttaacaccac tcttctttga taaacttggc atcttttttc2640
tgtttcatcg agtggcttga acaatgaaca tttctctttt ggatacaaa gaacaaccac2700
cagttctcca agatctgggt ttaggttaga tccttgatag acagtttcac agactttctc2760
aatactctgt tcacaggcca gaaagactac aatgtcacct ttctcaccgg agtgggtgaat2820
ttcaaagata aggcgtaaaa tagactcaaa agaatccttt tgagcctcac taaggtacac2880
aacctccaca ggggtgtttat ttttcacttc tatgacaggc acgtttccat aataagaatt2940
gagtttgct

```

2949

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 49:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 665 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

## (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung

hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 49:

```
cctagacccg tccggtcgca gactgtcctc cgagacgctt cctgtccggt gagcgtcgac 60
cgactgaaac ggcggcccat aatacattgc gatggcgggt aggcgtgtgg ggcgggagcc 120
agggccgga gtagagcgga ggtggtggcg gcggaggctt tggcagctcg ggactgagtg 180
caagaatcag catgattctt cagaggctct tcaggttctc ctctgtcatt cggtcagccg 240
tctcagtcca ttgcgaggag aacattgggt ttacagcagt ggcatttaat aaggaacttg 300
atcctataca gaaactcttt gtggacaaga ttagagaata caaatctaag cgacagacat 360
ctggaggacc tggtgatgct agttcagagt atcagcaaga gctggagagg gagcttttta 420
agctcaagca aatgtttggt aatgcagaca tgaatacatt tcccaccttc aaatttgaag 480
atcccaaatt tgaagtcac gaaaaacccc aggcctgaag aaataaagta aaattaatct 540
ggtaatttgt cacggattag ttgtacaact agttagaagt ttcagaataa acatgcattt 600
cataactgtc aaatgttctt ttaattctga gtccaaataa attatttggt gatgttgaaa 660
aaaaa
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:50 :

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 904 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:50 :

```

tcaccaccga gtgatgtgct gaggcctcct gcagtgaatg ctccctccat tcctgtactc 60
aggcagtgcc attcagcaca ggagagctct ttttgccttt ggctttcaat tccaaaacat 120
gatttaattt ctaactaaat tagtatggca ctagttagga agtatctgct taaaaccctt 180
catcatgata tcctgtggat ttaaaaactc taattccatg ttttcttccc atctgcctta 240
tatatctcat caccctgctt atcaatattc agtttgatga gcactattaa ctaaaatatg 300
aaacttaaaa acaaaaagcaa gttgtcctta aaagtctctt ttttaagtaa attggtgaca 360
tactgcaaat tttctatgca aacttgccctc ctgctgttat ctgtgaagct caggaaatcc 420
aaacatttgt gtttcaacaa gggacagtaa actgtgtgtt tacagccaaa agaaatgcct 480
catagttctt aacctcaact tttgtagaag tatttttttc tctgtaatat ttttattggc 540
tcataaagat gttttcatat ctgaactcct aaataagtga aattacagta gattatatta 600
acaaaatact ttttaggtag ccattgctga gactttttaa aaatataact ttttccttaa 660
agttttcagc tatagcaaaa ggtagttatg tatgccagac ctaatatgag ctgccaccaa 720
cacccttaga actttcagcc atggtgtctt cagaattgta gcgcatttct gaacttaggc 780
aaatcctcct tttaccggtt gaatgttttg aatgccttga ctctaccagc gcccataaat 840
gatctctagg aagggtgtt aggtaccaat tctgtttttt caactttgga aggtaaaaac 900
cccg
904

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 51:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1239 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

## (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

## (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 51:

```

cgaaggcagg cgcaaggagc aagcgcagat tgtgggcggc tgtgtcagct gacccaaggg 60
gccttcgagg tgccttaggc cgcttgccct gctctcagaa tcgctgccgc catggctagt 120
cagtctcagg ggattcagca gctgctgcag gccgagaagc gggcagccga gaagggtgtc 180
gaggcccqca aaagaaagaa ccggaggctg aagcaggcca aagaagaagc tcaggctgaa 240
attgaacagt accgcctgca gagggagaaa gaattcaagg ccaaggaagc tgcggcattg 300

```

```

ggatcccgtg gcagttgcag cactgaagtg gagaaggaga cccaggagaa gatgaccatc 360
ctccagacat acttccggca gaacagggat gaagtcttgg acaacctctt ggcttttgtc 420
tgtgacattc ggccagaaat ccatgaaaac taccgcataa atggatagaa gagagaagca 480
cctgtgctgt ggagtggcat tttagatgcc ctcacgaata tgaagcttag cacagctcta 540
gttacattct tatgatatgg cattaaatta tttccatata ttatataata ggcccttcca 600
ctttttggag agtagcaaat ctagcttttt tgtacagact tagaaattat ctaaagattt 660
catcttttta cctcatattt cttaggaatt taatggttat atgttgtctt tttttcctat 720
gtcttttggc tcaagcaaca tgtatatcag tgttgacttt ttctttctta gatctagttt 780
aaaaaaaaaa aaaaccacat aacaattctt tgaagaaagg aagggattaa ataatttttt 840
tccctaacac tttcttgaag gtcaggggct ttatctatga aaaagtagta aatagttctt 900
tgtaacctgt gtgaagcagc agccagcctt aaagtagtcc attcttgcta atggttagaa 960
cagtgaatac tagtggaatt gtttgggctg cttttagttt ctcttaatca aaattactag1020
atgatagaat tcaagaactt gttacatgta ttacttgggtg tatcgataat catttaaaag1080
taaagactct gtcatgcaaa ttttaaccca tatttttttt ttccctgtct ccgtgacaac1140
cagtgggtct tcatttttga tcatgcaaaa tgcattctga cccagatggt ctgcagaact1200
tcacttagga cattagcaca caaatagcac acatatctt 1239

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:52 :

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 966 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

## (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

## (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 52:

```

gccctgagga ccctagtcca acatggcggc gccagcgga ggggtggaacg gcgtcggcgc 60
gagcttgttg gccgcgctgc tcctaggggc cgtggcgctg aggccggcgg aggcggtgtc 120
cgagcccacg acggtggcgt ttgacgtgcg gcccgcggcg gtcgtgcatt ccttctccca 180
taacgtgggc ccgggggaca aatatacgtg tatgttact tacgcctctc aaggagggac 240
caatgagcaa tggcagatga gtctggggac cagcgaagac caccagcact tcacctgcac 300
catctggagg cccaggggga agtcctatct gtacttcaca cagttcaagg cagagggtgcg 360
gggcgctgag attgagtacg ccatggccta ctctaaagcc gcatttgaaa gggaaagtga 420
tgtccctctg aaaactgagg aatttgaagt gaccaaaca gcagtggctc acaggcccgg 480
ggcattcaaa gctgagctgt ccaagctggt gattgtggcc aaggcatcgc gcactgagct 540
gtgaccagca gccctgttgc ggggtggcacc ttctcatctc cggatgaagct gaaggggcct 600

```

```

gtgtccctga aaggccagca catcactggt tttctaggag ggactcttaa gttttctacc 660
tgggctgacg ttgccttgtc cggaggggct tgcagggtgg ctgaagccct ggggcagaga 720
acagagggtc cagggccctc ctggctccca acagcttctc agttccact tcctgctgag 780
ctcttctgga ctcaggatcg cagatccggg ggcacaaaga ggggtgggaa caagtggggg 840
ctatTTTTTg ggaaaaaac ccatggttcc cctaactttg agccggggag tgctttaatt 900
gggcttgaaa ccttttttcc cggtttttcc ccagggggcc gtccttttaa attaaacttg 960
agaaag

```

**(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 53:****(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:**

- (A) LÄNGE: 556 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

**(vi) HERKUNFT:**

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

**(vii) SONSTIGE HERKUNFT:**

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

**(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:53 :**

```

taaagctgcg gcggcggttc gcgtttctcg tgctcgettg actgacagct gcgcggcggg 60
agcgggcggc gcgagcggga ggcggcgggc cagagcttgg ggcttccttg gtcgcaccca 120
ccacctgect gcccaactgg cagccttcag ggacctgag caccgcctgg tctctttcct 180
gtggccagcc cagaactgaa gcgctgcggc atggcgcgcg cctgcctcca ggccgtcaag 240
tacctcatgt tcgccttcaa cctgctcttc tggtctggag gctgtggcgt gctgggtgtc 300
ggcatctggc tggccgccac acaggggagc ttgcgccagc tgctcctctc cttcccgtec 360
ctgtcggetg ccaacctgct catcatcacc ggcgcccttg tcatggccat cggcttcgtg 420
ggctgcctgg gtgccatcaa ggagaacaag tgccctcctg tcactttctt ccggtgctgc 480
tggttgagg ccaccatgc catcctcttc ttgcctaca cggacaagat tgacaggtat 540
gccagcaag acctga

```

**(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:54 :****(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:**

- (A) LÄNGE: 1349 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:54 :

```

cggggggagtg aggagaaaagg ggggggcttgg cgcccgagg aggagtaggt gcgggtgaag 60
atggcggcag ccgaggccgc gaactgcatc atggagggtgt cctgtggcca ggcggaaaagc 120
agtgagaagc ccaacgctga ggacatgaca tccaaagatt actactttga ctccacgca 180
cactttggca tccacgagga gatgctgaag gacgagggtgc gcaccctcac ttaccgcaac 240
tccatgtttc ataaccggca cctcttcaag gacaagggtgg tgctggacgt cggctcgggc 300
accggcatcc tctgcatgtt tgctgccaag gccggggccc gcaagggtcat cgggatcgag 360
tgttccagta tctctgatta tgcggtgaag atcgtaaaag ccaacaagtt agaccacgtg 420
gtgaccatca tcaaggggaa ggtggaggag gtggagctcc cagtggagaa ggtggacatc 480
atcatcagcg agtggatggg ctactgcctc ttctacgagt ccatgctcaa caccgtgctc 540
tatgcccggg acaagtggct ggcccccgat gccctcatct tcccagaccg ggccacgtg 600
tatgtgacgg ccatcgagga ccggcagtac aaagactaca agatccactg gtgggagaac 660
gtgtatggct tcgacatgtc ttgcatcaaa gatgtggcca ttaaggagcc ctagtggtat 720
gtcgtggacc ccaaacagct ggtcaccaac gcctgcctca taaaggaggt ggacatctat 780
accgtcaagg tggaagacct gaccttcacc tcccgttct gcctgcaagt gaagcggaat 840
gactacgtgc acgccctggg gccctaactc aacatcgagt tcacacgtg ccacaagagg 900
accggcttct ccaccagccc cgagtccccg tacacgcact ggaagcagac ggtgttctac 960
atggaggact acctgaccgt gaagacgggc gaggagatct tcggcaccat cggcatgcgg1020
cccaacgcca agaacaaccg ggacctggac ttcaccatcg acctggactt caagggccag1080
ctgtgcgagc tgtcctgctc caccgactac cggatgcgct gaggccccggc tctcccggccc1140
tgcacgagcc caggggctga gcgttcctag gcggtttcgg ggtcccccct tcctctccct1200
ccctcccga gaagggggtt ttaggggcct gggctggggg gatggggagg gcacatcgtg1260
actgtgtttt tcataactta tgtttttata tggttgcatt tacgccaata aatcctcagc1320
tggggaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaagga

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 55:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2021 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:55 :

```

ctctgtctca aaagagaaaa aaaaagaaaa gtaaccttca gagattctta gaagagttgc 60
tcattcacac ccacgccctt gcccaaggct ggcccactta gagcgaaact taacttttgt 120
ctggatggga agagaagtaa gtctaccccg aggttgccat gttgaagagt gagaggtcca 180
agtgattctg tgcattgaaa ccaagacacc ccaccagaa cacttcttcc ctccctcagc 240
ccaaacaaaa ggctggggtt ctcatctcca agtggctgtt ctccaacttt cccaagccgc 300
ttgcattccc cagactggac tactgtggcg gttaggttag atttgaagac ggggccagg 360
ctgggtatga acgggtgcag cctcttctc ctcttcccc ccacatctct catgagagag 420
gtagtggcat ttccttctca gggagcttca atgggaaagg tctcgaaagc ttcaggagga 480
gcagaatacc aacgcagggg gatggctgta acgatctcac cgtctcctaa cctcagtccc 540
ttttttgaga gtgaatgggg gaggggtggga agggaccag attttagat ctctttgtct 600
gggggagggg aaggatgtgg ttgacagagc ggaagcagag ttggaaacg catgagagca 660
gagcttcgtg tgttcccacc ctacgtgagg aggtgtgagt gggtagcat gtggagttgg 720
gtgttccac cctcagttag gaggtgtgag tgggggtgca tatagaggca gtgcctgctg 780
tggggtcaca actggtgcat gccagcgcca aaggacctg tctttagggg tcatttcagc 840
cagctcctcc catcacagat gacagctcca agcctagaag gggctcagt acagggccag 900
gacaagccct caggactgtg gcctcctggc ccttggttcc cctgccccac aacatgggtc 960
ccacatggct ggctggctgg ctgtccctgt gtgtgtgtga cacacggtgt gagtgcaggg 1020
ctgtgcccgg ggtgggaggg tgtctatgtg gcactgactg tcttagctca gagctggtgg 1080
atcctctcca tggacaatga cactttaagg attgtcttgg tttgttttcc ctatttgggg 1140
ggtattttcc cctcaggct cctgggtctg ctgctgcctc aagggtgctc gaccttgagg 1200
ctgatgaggg gacccctgcc tgtttcccc atactgagtt ctagggagggt gctcacccca 1260
gactcttagg aagggtctag agaaatgaga ggagcccaag ccaggggcca gctccgagaa 1320
agggtaacct ccacgcttct ctctccaaa ttggaaatga agacagggtt tcaaaggcac 1380
aggctcccc tgccagcttc taggatcttc cttggtgtgc aatgggccag ttaggggtag 1440
gcagcttgca cccagttctc ctttatctca acttattttc ctggggagag gtgcctagag 1500
ggattgaggt aacttcaact gggaattcca aggaaggtgg gcaagtagcc ttggctctct 1560
cccaccatgt ccatcaggat tgagagtgtg tctagctccc gaccactttg tcttgacct 1620
ctgaaaagt gggaactgag ggggtgcctc attccccctt gttcactttc tccagctcaa 1680
cttgggactt ggggtggagg actggagacc tcacccctgc tcccgctccg ccccttttct 1740
atcccaacct gtttccatgt agcagaccct tcctagggag caggagggg aagccacaga 1800
ttgcaaaccc aggggtcctt ttttcattct ttctaaaacc ttgatatcct cagcccaaag 1860
gcgatgcccc cctgccacct ccaagcctgg aattgtgcat aaccgggac ttgtatcttt 1920
gtataacgga tgttatttgt acgaagggca gttcgtaaac agcacttgtt cttttaataa 1980
aagaatgttt tgcaaaaaaa aaaaaaaaaa tccgaaaaaa a 2021

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:56 :

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 900 Basenpaare

- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: lin ar

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:
  - (A) ORGANISMUS: MENSCH
  - (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:56 :

```

gcgaccgcct ctactggaag tttgaccctg tgaagggtgaa ggctctggaa ggcttcccc 60
gtctcgtggg tcctgacttc tttggctgtg cgagcctgcc aacactttcc tctgaccatg 120
gcttggaatgc cctcaggggt gctgaccctt gccaggccac gaatatcagg ctagagaccc 180
atggccatct ttgtggctgt gggcaccagg catgggactg agcccatgtc tcctcagggg 240
gatggggtgg ggtacaacca ccatgacaac tgccgggagg gccacgcagg tcgtggtcac 300
ctgccagcga ctgtctcaga ctgggcaggg aggcctttggc atgacttaag aggaagggca 360
gtcttggggc cgctatgcag gtccctggcaa acctggctgc cctgtctcca tccctgtccc 420
tcagggtagc accatggcag gactggggga actggagtgt ccttgcctgta tccctgttgt 480
gaggttcctt ccaggggctg gcaactgaagc aagggtgctg gggcccatg gccttcagcc 540
ctggctgagc aactgggctg tagggcaggg ccacttcctg aggtcaggtc ttgtaggtg 600
cctgcattct tctgccttct ggctgacaat cctggaaatc tgttctccag aatccaggcc 660
aaaaagttca cagtcaaatt gggaggggta ttcttcatgc aggagacccc aggccctgga 720
ggctgcaaca tacctcaatc ctgtcccagg ccggatcctc ctgaagccct tttcgagcga 780
ctgctatcct ccaaagccat tgtaaatgtg tgtacagtgt gtataaacct tcttcttctt 840
tttttttttt aaactgagga ttgtcattaa acacagttgt tttctaaaaa aaaaaaaaaa 900
  
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 57:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
  - (A) LÄNGE: 1212 Basenpaare
  - (B) TYP: Nukleinsäure
  - (C) STrang: einzel
  - (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN



(vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:57 :

```

ggcggggcct gcgggcgga cgcggccgaa gccgcacggg agacgacgag gaggagccgg 60
aagatgcgga cgaggcgga gttccccgtg atctccgtgg tgggtacac caactgcgga 120
aagaccacgc tgatcaaggc actgacgggc gatgccgcca tccagccacg ggaccagctg 180
tttgccacgc tggacgtcac ggcccacgcg ggcacgctgc cctcacgcat gaccgtcctg 240
tacgtggaca ccatcggtt cctctcccag ctgccgcacg gcctcatcga gtccttctcc 300
gccaccctgg aagacgtggc ccactcggt ctcatcttgc acgtgaggga cgtcagccac 360
cccaggcgga agtccagaaa tgcagcgttc tgtccacgct gcgtggcctg cagctgcccg 420
ccccgtcctt ggactccatg gtggagggtt acaacaaggt ggacctcgtg cccgggtaca 480
gccccacgga accgaacgtc gtgcccgtgt ctgccctgcg gggccacggg ctccaggagc 540
tgaaagctga gctcgatgcg gcggttttga aggcgacggg gagacagatc ctcactctcc 600
gtgtgaggct cgaggggcg cagtcagctg gctgtataag gaggccacag ttcaggaggt 660
ggacgtgatc cctgaggacg gggcgccga cgtgagggtc atcatcagca actcagccta 720
cggcaaattc cggaagctct ttccaggatg aacggacgcc cacagaggcc tgcggggtgg 780
gggcacgtgc gcctggggag ctgaggcgtt accgctgtgt tggggcagc ttggtgtcag 840
gtgcagcagg gtctccttg tctggttctg caccgctctc gctcccagcc atttgctggg 900
atgaccgtgc aggcgggtga caggccgca cctgccccaa agcgggccgc ccgagcgtcc 960
actccaagcc tgagcatcca cacaattcca gtgggccctc ggtgcctgct gtgaactgct1020
ttccctcgga atgtttccgt aacaggacat taaacctttg attttacttc agtgaaaaa1080
aaatccagtt cctcctgcac ctgccgtgag ccgtggcctg gtggcaccga cggcccctcc1140
gcccggctgt ctgtgttcac agatggtctc ggtttcccat ggtggtgtcg gggaaatgac1200
gaaaaatcag gt

```

1212

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 58:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
 (A) LÄNGE: 494 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRang: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:58 :

```
ctccctaggt acaaatagcc ctgggctctg cagctccaca ggctcctggg gtggagtcca 60
aatcactcat tgtttgtaa agctgagctc acagcaaac aagccaccat gaagctgtcg 120
gtgtgtctcc tgctggcac gctggccctc tgctgctacc aggccaatgc cgagttctgc 180
ccagctcttg tttctgagct gttagacttc ttcttcatta gtgaacctct gttcaagtta 240
agtcttgcca aatttgatgc cctccggaa gctgttgag ccaagttagg agtgaagaga 300
tgcacggatc agatgtccct tcagaaacga agcctcattg cggaagtcct ggtgaaaata 360
ttgaagaaat gtagtgtgtg acatgtaaaa actttcatcc tggtttccac tgtctttcaa 420
tgacaccctg atcttcactg cagaatgtaa aggtttcaac gtcttgcttt aataaatcac 480
ttgctctcca cgtc 494
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 59:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 729 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRang: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:59 :

```
tttttttccct tgggaagcag gagtttattt ttatcctttt gtaagtatta actcggaat 60
cacaacaaac acggagcaat ctcaatgctg ttatccgga ggacagtctg cggggctcgtg 120
acgattcttt tcttcttgaa gtttttccct ttctgaatc tcataatgat tcttggccat 180
gattctgtct tttcaatgac tgtggcttct actcgaacaa gatcctttcc gaggagtggc 240
ttgccaaagca gcgtgaagtt gtctgcccc accagcagga ccttctccag tcgaattctc 300
tctccacacg caaggtctag ttcatttcca attaagatca ggtcttcaga ggtcaccttc 360
cactggcggc tggcaaagtg caccacggca aagagcctgc catactgccc cgtgacgatc 420
atctcattca ccttcttcac gacctctgca tgggtgtctg tctcctcaac tgggtctggc 480
agaacaactt ctggccaagg tgggtgaactc agggatgttt taggaacata tcctggtaga 540
tatgaagtgc tctgtgaatt gaaccttcga gaagcagacc aaagggaggc tgctccgggc 600
cccgaaggtc tcaggatgct gtggctgcac gcggacgcca gccgcctaa ggtgaccgctc 660
```

```

agggaagatg ctgccatggc cgccgccatc ttcccgccgc ctcggccgga aacggaaacg 720
acgcgaacc                                     729

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:61 :

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1315 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:61 :

```

cagaggctct tttttaaatc ttggggaaat catacccact gaggaataga ggccagggca 60
gatcaggcct gcggtggattg tgggtcagct aggggaagcag aaggaggaag acgctggaat 120
cattgtcagg actgagaata tgggtgtgagt tgcttttgag ggtggccatg tgagcacctt 180
ggccagatta atctctttcc ccctccatg atgggtggcag gggcaggagc tgacttcgtg 240
atgctgggtg gcatgctggc tgggcacagt gaggcaggtg gtgagctcat cgagagggat 300
ggcaagaagt acaagctctt ctatggaatg agttctgaaa tggccatgaa gaagtatgct 360
gggggctgtg ctgagtagag gtatgtgtgg agggccagga gcttagtaat agtatggagg 420
cagaactcat ggctgctgag agggggatgg tacagtcttc agagaagcat ggtgaaccgg 480
ggctcaatgc taggggtctgt ggaaaagtcc ctgggcttaa ggaatccaga aggagaagat 540
aataaagttt ttcctacttt aagagcctca gagggaaaaga cagtggaaat tccttttaaa 600
ggagatgtgg aacataccat ccgagacatc ctaggaggga tccgctctac gtgtacctat 660
gtgggagcag ctaagctcaa agagttgagc aggagaacta ccttcacccg agtcacccag 720
cagggtgaatc caatcttcag tgaggcgtgc tagacctgag cagttctacc ctcccaaggc 780
accagrtactc taccatgggg catcccaagt ggggtcctca cccatcccag ctactgcagc 840
tctgtattac ttgtcattt cctgttgtct cactcctgag ggctcctgca gtaactctgt 900
acttctctat ctgcacacac aaaatgccca aggcactcac tggggaggaa gcaaggaagc 960
aaacagtctg agaaaatgat gcaagaaaat caaatgggaa tctggggacc caacacaaca1020
tcctgaagat tattaaggagg aaaagatgct gattgggtaca taaatctttt acatggcctt1080
ggctctagag aggcaggctt ttagaatcat gttttgttaa tccgcttcac taaattggac1140
cttcacatat ctaaaaagct ctgaagtgtt tgtatatattg aaataacctca ataaagagag1200
agctcattga ctgtaaaaaa aaaaaaaaaa aattctgtac aaggctagca tctgggtgct1260
gctgcagagt ggggtggtgtt agggtcagca ctgaccaggt ggggtcaaga acaat 1315

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 62:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2011 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:62 :

```

tagaatattc atgtgagttc attcctccct gctgagattg ttcagctcct ccttccctgc 60
tataccgact ggacttgaac actaagtctt caatagctga gattctccat cttaatctac 120
ttggaggcaa gagcagattg gttgtttcat tatggatgga ggggatgatg gtaaccttat 180
tatcaaaaag aggttttgtt ctgaggcaga actagatgaa cggcgcaaaa ggaggcaaga 240
agaatgggag aaagttcgaa aacctgaaga tccagaagaa tgtccagagg aggtttatga 300
ccctcgatct ctatatgaaa ggctacagga acagaaggac aggaagcagc aggagtacga 360
ggaacagttc aaattcaaaa acatggtaag aggcttagat gaagatgaga ccaacttctt 420
tgatgaggtt tctcgacagc aggaactaat agaaaagcaa cgaagagaag aagaactgaa 480
agaactgaag gaatacagaa ataacctcaa gaagggttga atttctcaag agaacaagaa 540
ggaagtggaa aagaaactga ctgtgaagcc tatagaaacc aagaacaagt tctcccaggc 600
gaagtgttgg caggagctgt gaagcataag agctcagaga gtggcaacag tgtgaaaaga 660
ctgaaaccgg accctgagcc agatgacaag aatcaagagc cctcatcctg caagtctctc 720
ggaaacacct ccctgagtgg cccctccatc cactgccccct ctgctgcagt atgtatcggc 780
atcctcccag gcctgggtgc ctactctggg agcagcgact ccgagtcag ctcagacagc 840
gaaggcacca tcaatgccac cggaaagatt gtctctcca tcttccgaac caacaccttc 900
ctcgaggccc cctagtttct ccgtccctac acagggagct cctccccaag ggtagatcgg 960
accgttcatg ctgcctatag gcattatgtc cctcaaaaaa aaactccttt gcctgcatcc1020
tgtgtacaac atgacatttt taaccaatcc aatctaaaaa tgtgccagaa tccacctgtg1080
gcccgaatcg tgtttggttc ctctttctac tccactgcag atgaccaaac ctgtcccgtt1140
gccactttcc tcaactgatat tgggaggagg gcaaggccca gccgaagttc cactaaaaat1200
gccccaggag aataggcacc ggctggcttg ccaaagggtt tgggttttat tgccttctgt1260
tttttctttt cccgacagca caaagaagta agggcagtta ttggacaggt gttatttaaa1320
cattctattg taaatgaatg tgtgttttgg ttctactgca ttgtggagca tgcgggggaa1380
gagaactgac ccaggtaatg aaatggagcc cttccctgga actaaccagt ccttgatgtt1440
gtgtgactaa gtaaagatga taaaccccat ctgctggggg tgctcacttca cactcggcat1500
gcattgtgaa agctttccat acccttggcc attcctctct tcctctctct ccaaccccat1560

```

```

ttatgcagga agggactgct aacaagaacg cttccatctc aaaccttttc tctgcctggg1620
aaattatttt atgtttggtt ttgaaataaa ggatttagtt taagattcta aatttttagag1680
aaacaaacgt aggccttggt tactaatagc cagacatcag aactgcaggt aggtatgtta1740
atgagatgac ttatttctgg cagctcctgg aatcctaata ttgtaaataa gtgggacaca1800
cttgcatatt gtgaccattc tattgaggcc cttctctggt taatgcatat tatacttgtg1860
cttttaactg tggaatctat ttctaacctt aagggtgctgc cctagtactt ttcttttgct1920
gcctctgctg ctctttttcc ttttccaaac agcaaactct gaggccatga gcagccaaaa1980
actagaggta ctgctccacc tcgtctcata a

```

2011

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:63 :

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2009 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:63 :

```

aggggggata gaagggacag gggatcgaga aagagagaaa gaaaatgaga gaggtagaag 60
acgagatcgt gactatgata aggaaagagg aaatgaacga gaaaagaaaag gtccaaggaa 120
cagagaagta ggggagaggt agaagagaag aaacataaag aagacaaaaga tgataggcgg 180
cacagagatg acaaaaagaga ttccaagaaa gagaaaaaac acagtagaag cagaagcaga 240
gaaaggaaac acagaagtag gagtcgaagt agaaatgcag ggaaacgaag tagaagtaga 300
agcaaagaga aatcaagtaa acataaaaaat gaaagtaaag aaaaatcaaa taaacgaagt 360
cgaagtggca gtcaagggaag aactgacagt gttgaaaaat caaaaaaacg ggaacatagt 420
cccagcaaag aaaaatctag aaagcgtagt agaagcaaag aacgttccca caaacgagat 480
cacagtgata gtaaggacca gtcagacaaa catgatcgtc gaaggagcca aagtatagaa 540
caagagagcc aagaaaaaca gcataaaaaac aaagatgaga ctgtgtgaaa atattttgta 600
aaagtggatc acattgaatc ctataaatga ttaaatctgc ttttttcccc cacgttgaga 660
ttgtgcagta gttcgcactc ctcaagctct ccctgtaggc tgcattttca tttcctcttt 720
cgtgtaggga agtgcctttg taattccatt tattgcattg gtgttttcac ccaattgtta 780
agtttgatac atgatgcaca gattgttctt gcatttttat tgtttgtttt tgaaatgtac 840
agtctgtaca tatgtcctga aaatgtttta attccttttg catggttgcc atgttggtta 900
aatttgatata aggaataaaa ctgccactaa tctatttttg ttttgtaggt gtgggattat 960
ggtttggtga ctgaagttag catggctgtg cttttcgtaa tagaatgcta aagactttga1020
gaatggatct tggatgtcta ttataggaga agtatgtgct gccaatgtac aagaaggcag1080
cattgtagga ttaacattct tgtctactgt atattatctt ggaaggctct tggttaatatg1140

```

```

ttacacttaa tattctccac agttaccttt agagagaatt tatgagaagt tagtttctgal200
tgcagagggt tttaggctgt gatttcatca aaagtccttt tagcattcta cctcaaagggl260
acacttagta tgcctaaaaat ttattcactt agttttcctt ttttatttga aaaaatacat1320
gacatgtaat ctttttttct tgaattcttt ctcagatttt aaagtactat attaaagaaa1380
aaaattaatg tctaaagcct agcattcttg cagaacccta tactaacatg taatggggag1440
aggggtggggc agatgagtag agaaacagat tcaagcctca agcttcctaaa gcatttttat1500
aaatggaaaa tccttaaaatt atgaaacagc ttgatatagt gtcctttttt taaaattcag1560
aacttttttt attgataatg gagattgctg tttgagtttt taaacttaat ctagaacagal620
ggagtattaa aagtaatgct gtgctgcatt atttaagact atcagcaaat tatttgatag1680
attgttctta caacttgat tctgattaca gaaccatcat gagtgtggaa taaatactgg1740
attaaatcct ttatcctggg tcttgctttt tccccattt gttaaatttt tttagcatat1800
ttatattgtg gaaattgatg aaacgtcagt agagtcacac tttgtgtaca gggatgtctt1860
agtgcccaga tgacaagtga attttgaga aatgcataga ctgggattgg gcattgtgta1920
atcaataatc tttattagaa tacttgataa tggcagttcc ctttgtcagt ggttggttaca1980
tgtgtcattt gattactttg ttccatgtc

```

2009

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:64 :

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2269 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

## (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

## (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:64 :

```

gcctggccct tgcagagaag gccagctggt tgggggaaca gcccagttc tggtcgaaga 60
gcaggttctg gactggatca gctaccaagt ggagaagaac aagtagcacg caagcgccat 120
tgactttctc cgatgtgaca tggatggcgc caccctctgc aattgtgcc ttgaggagct 180
gcgtctggtc tttgggcctc tgggggacca actccatgcc cagctgcgag acctcacttc 240
cagctcttct gatgagctca gttggatcat tgagctgctg gagaaggatg gcattggcctt 300
ccaggaggcc ctagaccagc ggccctttga ccagggcagc ccctttgccc aggagctgct 360
ggacgcaggc cagcaagcca gccctacca ccccggcagc tgtggcgag gagccccctc 420
cctggcagc tctgacgtct ccaccgagg actggtgctt ctggagctc ccactcctca 480
gactccggtg gaagtgcgtt ggacctggat cccactgatg gcaagctctt cccagcgat 540
ggttttcgtg actgcaagaa gggggatccc aagcacggga agcggaacg agggcgccc 600
cgaaagctga gcaaagagta ctgggactgt ctcgagggca agaagagcaa gcacgcgccc 660

```

```

agaggcacc accgtgtgga gttcatccg gacatcctca tccacccgga gctcaacgag 720
ggcctcatga agtgggagaa tcggcatgaa ggcgtcttca agttcctgcg ctccgagggt 780
gtggcccaac tatggggcca aaagaaaaag aacagcaaca tgacctacga gaagctgagc 840
cgggccatga ggtactacta caaacgggag atcctggaac ggggtggatgg ccggcgactc 900
gtctacaagt ttggcaaaaa ctcaagcggc tggaaggagg aagaggttct ccagagtcgg 960
aactgagggt tggaaactata cccgggacca aactcacgga ccaactcgagg cctgcaaacc1020
ttcctgggag gacaggcagg ccagatggcc cctccactgg ggaatgctcc cagctgtgct1080
gtggagagaa gctgatgttt tgggtgattg tcagccatcg tcctgggact cggagactat1140
ggcctcgcc cccacccctc ctcttggaa tacaagccct ggggtttgaa gctgacttta1200
tagctgcaag tgtatctcct tttatctggt gcctcctcaa acccagtctc agacactaaa1260
tgagacaac acccttccctc tgagacacc tggactgagc caaggaggcc tggggaggcc1320
ctaggggagc accgtgatgg agaggacaga gcaggggctc cagcaccttc tttctggact1380
ggcgttcacc tccctgctca gtgcttgggc tccacgggca ggggtcagag cactcccta1440
tttatgtgct atataaatat gtcagatgta catagagatc tattttttct aaaacattcc1500
cctccccact cctctccac agagtgtggt actgttccag gccctccagt gggctgatgc1560
tgggaccctt aggatggggc tcccagctcc tttctcctgt gaatggaggc agagacctcc1620
aataaagtgc cttctgggct ttttctaacc tttgtcttag ctacctgtgt actgaaattt1680
gggccttttg atcgaatatg gtcaagaggt tggaggggag gaaaatgaag gtctaccagg1740
ctgagggtga gggcaaggc tgacgaagag gggagttaca gatttccgtg agcagggtgtg1800
ggcttacaga cacatggact gggctgggag gcgagcaaag gaagcagctg agactgttgg1860
agaacgctta caagacttca tgcaagcaag gacatgaact cagaacactg aggtcagaag1920
catcctgctg tcatgacacc gctcgagtga ccttgacctt gaccaagtct gtcctgttta1980
ggactgattt ttctatttag gctagggttt ggacctgatg ttctcaagat gtctagaatt2040
gcatggctgg ccttgtggaa tagatggttt tgcattccag ccaagtgtgc tgtaactgt2100
atatctgtaa tatgaatccc agcttttgag tctgacaaaa tcagagttag gatcttgtaa2160
agggtggagat gagtacttgc tgagaaaagaa tgggggaagg agttggcatt tgttgaaagt2220
atagtctttt tctctggggt tttttaattg caacttttac tttagattt 2269

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:65 :

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1874 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:65 :

```

caaaaaaacc tcttaatat ctggagtcatt cttcccttc gacagcattt tctctgctt 60
tgaaagcccc agaaatcagt gttggccatg atgacaacta cagaaaaacc agaggcagct 120
tctttgccaa gacctttcaa agccatttta ggctgttagg ggcagtgagg gtagaatgac 180
tccttgggta ttagagtttc aaccatgaag tctctaaca tgtattttct tcacctctgc 240
tactcaagta gcattttactg tgtctttggg ttgtgctagg cccccgggtg tgaagcacag 300
accccttcca ggggtttaca gtctatttga gactcctcag ttcttgccac tttttttttt 360
aatctccacc agtcattttt cagacctttt aactcctcaa ttccaacact gatttccctt 420
tttgatttct cctcctttcc ctctcttgta gccttttgac ttctattgga aattaggatg 480
taaatctgct caggagacct ggaggagcag aggataatta gcatctcagg ttaagtgtga 540
gtaatctgag aaacaatgac taattcttgc atattttgta acttccatgt gaggtttttc 600
agcattgata tttgtgcatt ttctaaacag agatgagggt gtatcttcac gtagaacatt 660
ggtattcgct tgagaaaaaa agaatagttg aacctatttc tctttcttta caagatgggt 720
ccaggattcc tcttttctct gccataaatg attaatataa tagcttttgt gtcttacatt 780
ggtagccagc cagccaaggc tctgtttatg cttttggggg gcatatattg ggttccattc 840
tcacctatcc acacaacata tccgtatata tcccctctac tcttacttcc cccaaattta 900
aagaagtatg ggaaatgaga ggcatttccc ccacccatt tctctctca cacacagact 960
catattactg gtaggaactt gagaacttta ttccaagtt gttcaaact ttaccaatca 1020
tattaatata atgatgctat ttgcaattcc tgctcctagg ggaggggaga taagaaaccc 1080
tactctcta caggtttggg tacaagtggc aacctgcttc catggcctg tagaagcatg 1140
gtgccctggc ttctctgagg aagctggggg tcatgacaat ggcagatgta aagttattct 1200
tgaaagtcaga ttgaggctgg gagacagccg tagtagatgt tctactttgt tctgtgttc 1260
tctagaaaga atatttggtt ttctgtata ggaatgagat taattccttt ccaggatttt 1320
tataattctg ggaagcaaaa cccatgcctc cccctagcca tttttactgt tatcctattt 1380
agatggccat gaagaggatg ctgtgaaatt cccaacaaac attgatgctg acagtcatgc 1440
agtctgggag tggggaagtg atcttttggg cccatcctct tcttttagca gtaaaatagc 1500
tgagggaaaa gggagggaaa aggaagttaa gggaatacct gtggtggttg tgatccctag 1560
gtcttgggag ctcttgagg tgtctgtatc agtggatttc ccatccctg tgggaaatt 1620
gtaggctcat ttactgtttt aggtctagcc tatgtggatt ttttcctaac atacctaaagc 1680
aaacccagtg tcaggatggg aattcttatt ctttcgttca gtttaagttt tcccttcatt 1740
tgggcactga agggatatgt gaaacaatgt taacattttt ggtagtcttc aaccagggat 1800
tgtttctgtt taacttctta taggaaagct tgagtaaaat aaatattgtc tttttgtatg 1860
tcaaaaaaaa aaaa

```

1874

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:66 :

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 687 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:



## (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:66 :

```

gggccaaagtg cccagtcag gagctgccta taaatgccga gcctgcacag ctctggcaaa 60
cactctgttg ggctcctcgg ctttgacaga gtgcaagacg atgacttgca aaatgtcgca 120
gctggaacgc aacatagaga ccatcatcaa caccttcac caatactctg tgaagctggg 180
gcacccagac accctgaacc agggggaatt caaagagctg gtgcgaaaag atctgcaaaa 240
ttttctcaag aaggagaata agaataaaaa ggtcatagaa cacatcatgg aggacctgga 300
cacaatgca gacaagcagc tgagcttcga ggagttcatc atgctgatgg cgaggctaac 360
ctgggcctcc cacgagaaga tgcacgaggg tgacgagggc cctggccacc accataagcc 420
aggcctcggg gagggcaccc cctaagacca cagtggccaa gatcacagtg gccacggcca 480
cggccacagt catggtggcc acggccacag ccactaatca ggaggccagg ccaccctgcc 540
tctaccaaac cagggccccc gggcctgtta tgtcaaaactg tcttggctgt ggggctaggg 600
gctggggcca aataaagtct cttcctccaa gtcagtgtct tgtgtgcttc ttccaccttt 660
ctgcaagcct gcctttccag ggggtgtg 687

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 67:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1528 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STrang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:67 :

```

gagcaacgct ggagcatccc gctctggtgc cgctgcagcc ggcagagatg gttgagctca 60
tggtcccgtt gttgctcctc cttctgccct tccttctgta tatggctgcg ccccaaataca 120
ggaaaatgct gtccagtggg gtgtgtacat caactgttca gcttcctggg aaagtagttg 180
tggtcacagg agctaataca ggtatcgga aggagacagc caaagagctg gctcagagag 240
gagctcgagt atatttagct tgccgggatg tggaaaaggg ggaattggtg gccaaagaga 300
tccagaccac gacagggaac cagcaggtgt tgggtcgga actggacctg tctgatacta 360
agtctattcg agcttttget aagggttct tagctgagga aaagcacctc cacgttttga 420
tcaacaatgc aggagtgatg atgtgtccgt actcgaagac agcagatggc tttgagatgc 480
acataggagt caaccacttg ggtcacttcc tcctaaccba tctgctgcta gagaaactaa 540

```

```

aggaatcagc cccatcaagg atagtaaagtg tgtcttccct cgcacatcac ctgggaagga 600
tccacttcca taacctgcag ggcgagaaat tctacaatgc aggcctggcc tactgtcaca 660
gcaagctagc caacatcctc ttcacccagg aactggcccg gagactaaaa ggctctggcg 720
ttacgacgta ttctgtacac cctggcacag tccaatctga actggttcgg cactcatctt 780
tcatgagatg gatgtggtgg cttttctcct ttttcatcaa gactcctcag cagggagccc 840
agaccagcct gcactgtgcc ttaacagaag gtcttgagat tctaagtggg aatcatttca 900
gtgactgtca tgtggcatgg gtctctgccc aagctcgtaa tgagactata gcaaggcggc 960
tgtgggacgt cagttgtgac ctgctgggccc tcccaataga ctaacaggca gtgccagttg1020
gacccaagag aagactgcag cagactacac agtacttctt gtcaaaatga ttctccttca1080
aggttttcaa aacctttagc acaaagagag caaaaccttc cagccttgcc tgcttggtgt1140
ccagttaaaa ctgagtgtac tgccagattc gtctaaatgt ctgtcatgtc cagatttact1200
ttgcttctgt tactgccaga gttactagag atatcataat aggataagaa gaccctcata1260
tgacctgcac agctcatttt ccttctgaaa gaaactacta cctaggagaa tctaagctat1320
agcagggatg atttatgcaa atttgaacta gcttctttgt tcacaattca gttcctccca1380
accaaccagt cttcacttca agagggccac actgcaacct cagcttaaca tgaataacaal440
agactggctc aggagcaggg cttgccaaag catggtggat caccggagtc aagtagttca1500
agaccagcct ggccaacatg gtgaaacc                                     1528

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 71 :

- (A) LÄNGE: 212 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 71

```

RDTVVGDGTE RSVTASRSA PRPWQSQTDS DSDSEGGAAG GEADMDFLRN LFSQTLISLGS 60
QKERLLDELT LEGVARYMQS ERCRRVICLV GAGISTSAGI PDFRSPSTGL YDNLEKYHLP 120
YPEAIFEISY FKKHPEPFFA LAKELYPGQF KPTICHYFMR LLKDKGLLLR CYTQNIIDTLE 180
RIAGLEQEDL VEAHGTFYTS HCVRPSAGTN TR                                     212

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 72:

- (A) LÄNGE: 29 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 72

SLNTAFSNVL HKNRILATQL LSLSVIILP

29

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:73 :

(A) LÄNGE: 71 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 73

QSQNDFTTDS LESLGAEFRK IPTSMKAKRS TKPSSCPRRY ESAHPSMATT STQPLVRKPW 60  
ATSLKTQTKN H 71

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 74:

(A) LÄNGE: 44 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 74

SNLVYVLSLH FPVFSYFLKG RPRSVLSYCH IGSKMSTHSL APNH

44

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 75:

- (A) LÄNGE: 30 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 75

ATSFMSYLCI FLYSAIFLKE GPGLYYPTAT

30

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 76:

- (A) LÄNGE: 113 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 76

IPEDPHIDES KAKHQAIIMS TSLRVSPSIH GYHFDTSRK KAVGNIFENT DQESLERLFR 60  
NSGDKKAEER AKIIFAIDQD VEEKTRALMA LKKRTKDKLF QFLKLRKYSI KVH 113

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 77 :

- (A) LÄNGE: 105 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 77

```
GAEGRQEAQ GSRKESYSVY VYKVLKQVHP DTGISSKAMG IMNSFVNDIF ERIAGEASRL 60
AHYNKRSTIT SREIQTAVRL LLPGELAKHA VSEGTKAVTK YTSAK 105
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 78:

(A) LÄNGE: 221 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 78

```
GSGGNHVSVC DTMEGGGGSG NKTGGLAGF FGAGGAGYSH ADLAGVPLTG MNPLSPYLVN 60
DPRYLVDQTD EFILPTGANK TRGRFELAFF TIGGCCMTGA AFGAMNGLRL GLKETQNMMAW 120
SKPRNVQILN MVTRQGLWA NTLGSLALLY SAFGVIIKT RGAEDDLNTV AAGTMTGMLY 180
KCTGGLRGIA RGGLTGLTLT SLYALYNNWE HMKGSLLQQS L 221
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 79 :

(A) LÄNGE: 118 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 79

```
DNRTLTKGPD TVSTMGQCRS ANAEDAQEF S DVERAIETLI KNFHQYSVEG GKETLTPSEL 60
RDLVTQQLPH LMPSNCGLEE KIANLGSCND SKLEFRSFEW LIGEAASVK LERPVRGH 118
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 81:

(A) LÄNGE: 293 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 81

```
ASRGAEQDGG ASAARPRRRW AGLLQRAAP CSLLPRLRTW TSSSNRSRED SWLKSIFVRK 60
VDPRKDAHSN LLAKKETSNI YKLQFHNVPK ECLEAYNKIC QEVLPKIHED KHYPCTLVGT 120
WNTWYGEQDQ AVHLWRYEGG YPALTEVMNK LRENKEFLEF RKARSDMLLS RKNQLLLEFS 180
FWNEPVPRSG PNIYELRSYQ LRPGMTIEWG NYWARAIRFR QDGNEAVGGF FSQIGQLYMV 240
HHLWAYRDLQ TREDIRNAAW HKHGWEELVY YTVPLIQEME SRIMIPLKTS PLQ 293
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 82:

(A) LÄNGE: 80 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 82

MAARALCMLG LVLALLSSSS AEEYVGLSAN QCAVPAKDRV DCGYPHVTPK ECNNRGCCFD 60  
SRIPGVPWCF KPLQEAECTF 80

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 83:

- (A) LÄNGE: 118 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 83

MDVFLMIRRH KTTIFTDAKE SSTVFELKRI VEGILKRPPD EQRLYKDDQL LDDGKTLGEC 60  
GFTSQTPARP APATVGLAFR ADDTFEALCI EPFSSPPPEL DVMKPQDSGS SANEQAVQ 118

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:84 :

- (A) LÄNGE: 195 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 84

MGRARDAILD ALENLTAEEL KKFKLKLLSV PLREGYGRIP RGALLSMDAL DLTDKLVSYF 60  
LETYGAELTA NVLROMGLQE MAGQLQAATH QGSGAAPAGI QAPPQSAAKP GLHFIDQHRA 120  
ALIARVTNVE WLLDALYGKV LTDEQYQAVR AEPTNPSKMR KLFSFTPAWN WTCKDLLLQA 180  
LRESQSYLVE DLEERS 195

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 85:

- (A) LÄNGE: 39 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 85

RMSSTRQCGP SPPTQARCGS SSVSHQPGTG PARTCSSRP

39

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 86:

- (A) LÄNGE: 37 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 86

WSGAEAPSQQ HSGQPLAIPP NHPESDLFIH NIRKASL

37

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 87:

- (A) LÄNGE: 100 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF



(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 87

```
GESRFRPGAD FLLVGGCSGV SGGSGRGSWS HGARARRHPG CAGEPDRRGA QEVQAEAAVG 60
AAARGLRAHP AGRAAVHGRL GPHRQAGQLL PGDLRRRAHR 100
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 88:

(A) LÄNGE: 63 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 88

```
PGLAAGLATL LLPSPRAAS LVCAVAGRR PLCQLELRGL TRHYVAGFGR ATRAGQEPNP 60
SRP 63
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:89 :

(A) LÄNGE: 113 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 89

GIGCGPRDPP ASLPAPRRLS GLCARRRSQA SLSAGVARAD APLCSGFRAG HACGTGTQPQ 60  
PTLSSRSSSL TSAEVQLPQF LAQVDNYRHK PLKLECPVAG ISIDLSQLSL QLQ 113

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 90:

- (A) LÄNGE: 153 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 90

HASGQDTASM AASKVKQDMP PPGGYGPIDY KRNLPRRGLS GYSMLAIGIG TLIYGHWSIM 60  
KWNRRERRRLQ IEDFEARIAL LPLLQAETDR RTLQMLRENL EEEAIIMKDV PDWKVGESVF 120  
HTTRWVPPLI GELYGLRTTE EALHASHGFM WYT 153

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 91:

- (A) LÄNGE: 141 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 91

SLALDQMAY KALDTSSLVG EQVTSYLTKK FAELRSPNEF KVYMGHGGKP WVSDFSHPHY 60  
LAGRRAMKTIV FGVEPDLTRE GGSIPVTLTF QEATGKNVML LPVGSADDGA HSQNEKLNRY 120  
NYIEGTKMLA AYLYEVSQLK D 141

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 92:

- (A) LÄNGE: 39 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 92

KMYKFVVFY VLIILRLGL RLIFRKILHA IRSKFYCGS

39

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 93 :

- (A) LÄNGE: 61 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 93

SFQALKFIIR SVRLRRGRSY NIPCQICYHL LAFSFHLRIE HNYFYCSYIA CQIKSFITKG 60  
V 61

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 94:

- (A) LÄNGE: 284 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 94

```
FVRESSSGSR WEVGAGAAVA AFSPQVGTMR PAALRGALLG CLCLALLCLG GADKRLRDNH 60
EWKKLIMVQH WPETVCEKIQ NDCRDPPDYW TIHGLWPKS EGCNRSWPFN LEEIKDLLPE 120
MRAYWPDVIH SFPNRSRFWK HEWEKHGTCA AQVDALNSQK KYFGRSLELY RELDLNSVLL 180
KLGIKPSINY YQVADFKDAL ARVYGVIPKI QCLPPSQDEE VQTIGQIELC LTKQDQQLQN 240
CTEPGEQPSP KQEVWLANGA AESRGLRVCE DGPVFYPPPK KTKH 284
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 95:

(A) LÄNGE: 63 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 95

```
QKRSFLEASA MEFSIIREIG QTSPKWSEFL NPGRELTLIS SLDLIGHWAL VRPQTRPVSP 60
VGF 63
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:96 :

(A) LÄNGE: 74 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 96

SFCLVVLHGL GLKIIPKIHQL TNENVSLCAT LPPAQSEFGT QKRTVYTTHL SPSMYSLWA 60  
DAPIHGNEPLT HFKT 74

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 97:

- (A) LÄNGE: 67 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 97

FRRYTSSQMK TSASAPPSLL PKVNLVLRKE LFIPLTFLPA CTHCGQMHQY MVILLILRR 60  
RKLNILL 67

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 98:

- (A) LÄNGE: 77 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 98

CHLNLTMFLG WSQIFRVPVC VISSAGWLSS ELLEIFTHAS ANHFEQGCLL VDDLLFFMTG 60  
ISGICFLAVF STFLPPW 77

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 99 :

- (A) LÄNGE: 132 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 99

```
TAAAAAMAPP WVPAMGFTLAP SLGCFVGSRF VHGEGLRWYA GLQKPSWHPP HWVLGPVWGT 60
LYSAMGYGSY LVWKELGGFTE KAVVPLGLYT GQLALNWAWP PIFFGARQMG WALVDLLLVS 120
GAAAALPWFG TR 132
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:100 :

- (A) LÄNGE: 130 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 100

```
AAGRGGADAG TAAWLTPARQ CPSRSVPSPL SSPEQQLQQP WPRPGCPPWA SRWRPAWGAS 60
WAPALSTARV SAGTPACRSP RGTRPTGCWA LSGARSTQPW GTAPTWSGKS WEASQRRLWF 120
PWASTLGSWP 130
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 101:

- (A) LÄNGE: 186 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 101

```
RPFIRAFACS KMAAVSMSVV LRQTLWRRRA VAVAALSVSR VPTRSLRTST WRLAQDQTQD 60
TQLITVDEKL DITTLTGVP EHIKTRKVRI FVPARNMQS GVNNTKKWK EFDTRERWEN 120
PLMGWASTAD PLSNMVLTF TKEDAVSFAE KNGWSYDIEE RKVPPKPSKS YGANFSWNKR 180
TRVSTK 186
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 102:

(A) LÄNGE: 106 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 102

```
QLTRLLQPAL GPGTTAVLLL QISTRPEDLG ETVCSLKPAD RVGQVELGPA RRRRVPRSSG 60
TPSSLSTDTP LTGTPCTPTP SPGSPPCPSP DNGSGSALAP AEGLPL 106
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 103:

(A) LÄNGE: 308 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 103

```
GSRPFTNPAR KDGAMFFHWR RAAEEGKDYP FARFNKTVQV PVYSEQEYQL YLHDDAWTKA 60
ETDHLFDLSR RFDLRFVVIH DRYDHQQFKK RSVEDLKERY YHICAKLANV RAVPGTDLKI 120
PVFDAGHERR RKEQLERLYN RTPEQVAEEE YLLQELRKIE ARKKEREKRS QDLQKLITAA 180
DTTAEQRRTE RKAPKKKLPO KKEAEKPAVP ETAGIKFPDF KSAGVTLRSQ RMKLPSSVGQ 240
KKIKALEQML LELGVELSPT PTEELVHMFN ELRRTWCCST SSSRPVPTAS MSCRCCGTVM 300
RHWPGLVLC 308
```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 104:

- (A) LÄNGE: 388 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 104

```
IVPFIPCSPE VQSILKISQP QEPELMNANP SPPSPSPSQI NLGPSSNPHA KPSPDFHFLKV 60
IGKGSFGKVL LARHKAEVF YAVKVLQKKA ILKKKEEKHI MSERNVLLKN VKHPFLVGLH 120
FSFQTADKLY FVLDYINGGE LFYHLQRERC FLEPRARFYA AEIASALGYL HSLNIVYRDL 180
KPENILLDSQ GHIVLTDFGL CKENIEHNST TSTFCGTPEY LAPEVLHKQP YDRTVDWWCL 240
GAVLYEMLYG LPPFYSRNTA EMYDNILNKP LQLKPNITNS ARHLLEGLLQ KDRTKRLGAK 300
DDFMEIKSHV FFSLINWDDL INKKITPPFN PNVSGPNDLR HFDPEFTEEP VPNSIGKSPD 360
SVLVTASVKE AAEAFGLFSY APPTDSFL 388
```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 105:

- (A) LÄNGE: 165 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:



(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 105

```
TDSEKDPSE QTRPWRPPCA LTMAMHFIFS DTAVLLFDFW SVHSPAGMAL SVLVLLLLAV 60
LYEGIKVGKA KLLNQVLVNL PTSISQQTIA ETDGDSAGSD SFPVGRTHHR WYLCHFGQSL 120
IHVIQVVIGY FIMLAVMSYN TWIFLGVVLG SAVGYLAYP LLSTA 165
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 106:

(A) LÄNGE: 478 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 106

```
GLPLGITVPV ARETITSLFN KSSVIGPPLR LILKAQVTRG NLCCPVTVTM QLRNPELHLG 60
CALALRFLAL VSWDIPGARA LDNGLARTPT MGWLHWERFM CNLDCQEEP SCISEKLFME 120
MAELMVSEGW KDAGYEYLCI DDCWMAPOQD SEGRLOADPO RFPHGIRQLA NYVHSGKLKL 180
GIYADVGNKT CAGFPGSFGY YDIDAQTFAD WGVDLLKFDG CYCDSLENLA DGYKHMSLAL 240
NRTGRSIVYS CEWPLYMWPF QKPNYTEIRQ YCNHWRNFAD IDDSWKSIS ILDWTSFNQE 300
RIVDVAGPGG WNDPDLVIG NFGLSWNQOV TQMALWAIMA APLFMSNDLR HISPQAKALL 360
QDKDVIAINQ DPLGKQGYQL RQGDNFEVWE RPLSGLAWAV AMINRQEIGG PRSYTIAVAS 420
LGKGVACNPA CFITQLLPVK RKLGFYEWS RLRSHINPTG TVLLQLENTM QMSLKDLL 478
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 107 :

(A) LÄNGE: 115 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 107

ESLLLTLDLE KPVSLLLSVT NLYSKNSAQF STILQTLSEF ATFTSPSPSIP LSSAYFFFFS 60  
DRVSLCRPGR SAVAQSWGSL QASTSQRASD HHASAPQVGW GLTRRHHTTA GLIFC 115

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 108:

- (A) LÄNGE: 69 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 108

TKLTPGQASP WFPTHTPVSL RSSRLTSLPL VCRSLTSRFR STSCLSQTTP SPFQERSRNS 60  
NFESRWNDI 69

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 109 :

- (A) LÄNGE: 78 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 109

MSPAPSSPEPG TSNVKELTER TKSSWMGPGT RLGTQCQKAG SLPRPSLLSI PHIPLSVLVI 60  
WHKELLFSLA KKKKKKKK 78

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 110:

- (A) LÄNGE: 78 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 110

```
FFFFFFFLAK ENRSSLCQIT RTDRGMWGMD RREGLGRLPA FWHLVPRRVP GPIQELLVRS 60
VNSLTFDVPG SELGAGDI 78
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 111:

- (A) LÄNGE: 77 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 111

```
LSETARISRQ GSHLWSLTNY FILLQMANCA EGQSHSHTLQ RLPNCFWKFT PRSGPLQAAG 60
TRGPRGCGTG PGTVRHV 77
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 112:

- (A) LÄNGE: 75 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 112

PITSFCFKWP IVQRDKATAT LFNGYQTVFG NSHQGRAHCR QLAHVARGAV ERVPELSDMF 60  
DFSVSEVLQI RCPNK 75

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 113:

(A) LÄNGE: 103 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 113

DCEDLQAGFS PLESDQLLHF ASNGQLCRGT KPQPHSSTVT KLFLEIHTKV GPTAGSWHTW 60  
PEGLWNGSRN CQTCLILAFP LFFKSGAQIS DQHSCFQIGE TIK 103

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 114:

(A) LÄNGE: 134 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 114

IAAASARRPP RLPRLSAPPS RGARGTMADP RVRQIKIKTG VVKRLVKEKV MYEKEAKQQE 60  
EKIEKMRAED GENYDIKKQA EILQESRMMI PDCQRRLEAA YLDLQRILEN EKDL EEAE EY 120  
KEARLVLD SV KLEA 134

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 115:

- (A) LÄNGE: 171 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 115

SGAVGAERMG APTPLLTGSR VLRAAVWVRG QSGRRWAART ACQPGAPESC AAGPRGAPRP 60  
PQPGAFREPR GAHDGGGDGY RAQGGGRAGEA QGGAAA AVEA ERCVLTERGL QLFEAKGTGG 120  
RPKELSFARI KAVECVESTG RHIYFTLVTE GAARSTSAAP WKIPAGTPRS P 171

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 116 :

- (A) LÄNGE: 247 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 116

AWSSSRTSRP SRQCGPGRAS GPGPSCP KPP GAPSFLHATH HLSAEVKAAS LFPLACGGTA 60  
VLHVARWKAW TCGGGAGAEG MDEPWEEGR LRAEDEDAA PGWSQTLRTC PAQGLRATGL 120  
ASYGMRGSWH RSPLPAVVLP SVLQTALSPL ALCQAWRRV PHGVPSQRLR NQEASLV PKG 180  
VPRAWYPGEL QNGLWTHLEK GELLGLKPTP GGLLLLRSFW DPHPSRPFLC TLLPPPLRIF 240  
PPLRCSA 247

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 117:

- (A) LÄNGE: 521 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 117

```
SKLNSYYGNV PVIEVKNKH PVEVVYLSEAO KDSFESILRL IFEIHHSGEK GDIVVFLACE 60
QDIEKVCETV YQGSNLNPD LGELVVVPLYP KEKCSLFKPL DETEKRCQVY QRRVVLTSS 120
GEFLIWSNSV RFVIDVGVE RRKVYNPRIA NSLVMQPIQ SQAEIRKQIL GSSSSGKFFC 180
LYTEEFASKD MTPLKPAEM QEANLTSMLVF MKRIDIAGLG HCDFMNRPAE ESLMQALEDL 240
DYLAAALDNDG NLSEFGIIM SEFPLDPQLSK SILASCEFDC VDEVLTIAAM VTAPNCFSHV 300
PHGAEEAALT CWKTFLHPE GDHFTLISIYK AYQDRTLNS SEYCVKWCW DYFLNCSALR 360
MADVIRAEAL EIIKRIELP YAEPAFGSKEN TLNIKKALLS GYFMQIARDV DSGSNYLMLT 420
HKQVAQLHPL SGYSITKKM PEWVLFHKFSI SENNYIRITS EISPELFMQL VPQYYFSNLP 480
PSESKDILQQ VVDHLSPTS TMNKEQQMCET CPETEQRCTL Q 521
```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 119 :

- (A) LÄNGE: 108 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 119

```
MILQRLFRFS SVIRSAVS VH LRRNIGVTAV AFNKELDPIQ KLFVDKIREY KSKRQTSGGP 60
VDASSEYQQE LERELFKLKQ MEGNADMNTF PTFKFEDPKF EVIEKPQA 108
```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 120:

- (A) LÄNGE: 67 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 120

RGFYLPKLKK QNWYLTALPR DHLWALVESR HSKHSTGKRR ICLDSEMRYN SEDTMAESSR 60  
GVGGSSY 67

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:121 :

- (A) LÄNGE: 129 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 121

AACLALRIAA AMASQSQGIQ QLLQAEKRAA EKVSEARKRK NRRLKQAKEE AQAEIEQYRL 60  
QREKEFKAKE AAALGSRGSC STEVEKETQE KMTILQTYFR QNRDEVLDNL LAFVCDIRPE 120  
IHENYRING 129

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 123:

- (A) LÄNGE: 175 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein

- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
  - (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 123

```
SNMAAPSGGW NGVGASLWAA LLLGAVALRP AEAVSEPTTV AFDVRPGGVV HSFSHNVGPG 60
DKYTCMFTYA SQGGTNEQWQ MSLGTSEDHQ HFTCTIWRPQ GKSYLEFTQF KAEVRGAEIE 120
YAMAYSKAAF ERESDVPLKT EEFEVTKTAV AHRPGAFKAE LSKLVIVAKA SRTEL 175
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 126:

- (A) LÄNGE: 132 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
  - (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 126

```
APPGLFPVAS PELKRCGMAR ACLQAVKYL FAFNLLFWLG GCGVLGVGIW LAATQGSFAT 60
LSSSFPSLSA ANLLIITGAF VMAIGFVGCL GAIKENKCLL LTFFRCCWLE ATIAILFFAY 120
TDKIDRYAQQ DL 132
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 128:

- (A) LÄNGE: 357 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF



(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 128

```
VRVKMAAAEA ANCIMEVSCG QAESSEKPNA EDMTSKDYYF DSYAHFGIHE EMLKDEVRTL 60
TYRNSMFHNR HLFKDKVVLD VSGTGILCM FAAKAGARKV IGIECSSISD YAVKIVKANK 120
LDHVVTIIGK KVEEELPVE KVDIIISEWM GYCLFYESML NTVLYARDKW LAPDGLIFPD 180
RATLYVTAIE DRQYKDYKI WVENYGFDM SCIKDVAIKE PLVDVVDPKQ LVTNACLIKE 240
VDIYTVKVED LTFTSPFCLQ VKRNDYVHAL VAYFNIEFTR CHKRTGFSTS PESPYTHWKQ 300
TVFYMEDYLT VKTGEEIFGT IGMRPNAKNN RDLDFITDLD FKGQLCELSC STDYRMR 357
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 129:

(A) LÄNGE: 129 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 129

```
NQDTPPRTLL PSLSPNQRLG FSSPSGCSPT FPSRLHSPDW TTVAVRLDLK TGPRLGMNCG 60
SPLLLFPPTS LMREVVAFPS QGASMGKVSK ASGGAEYQRR GMAVTISPSP NLSPPFESEW 120
GRVGRDPDL 129
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 130:

(A) LÄNGE: 41 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 130

RQCLLWGHNW CMPAPKGPVF RGHFSQLLPS QMTAPSLEGA Q

41

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 131:

(A) LÄNGE: 125 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 131

QQQDKPSGLW PPGPWFPCT TWSPHGWLAG CPCVCVTHGV SAGLCPGWEG VYVALTVLAQ 60  
SWWILSMDND TLRIVLVCFS YLWGIFPLRL LGLLLPQGV LRLMRGPLP VSPILSSREV 120  
LTPDS 125

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 132:

(A) LÄNGE: 120 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 132

DKGELGASCL PLTGPLHTKE DPRSWQGEV PLKTCLEHFQ GREKRGYPF SELAPGLGSS 60

HFSRPFLRVW GEHLPRITQYG GNRQGSPPHQ QGQDTLRQQQ TQEPEGENTP QIGKTNQDNP 120

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 133:

- (A) LÄNGE: 105 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 133

PHSRHCLYMH PSHLLTEGG NTQLHMLTHS HLLTEGGNTR SSALMRFQTL LPLCKPHPSF 60  
PPDKEIYKSG SLPTLPHSLK KKGLRLGDGE IVTAIPLRWY SAPPEAFETF PIEAP 105

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 134:

- (A) LÄNGE: 72 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 134

DRLYWKFDPV KVKALEGFPR LVGPDPFGCA SLPTLSSDHG LDALRGADPC QATNIRLETH 60  
GHLGCGGHQA WD 72

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 135:

- (A) LÄNGE: 67 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 135

PLPGHEYQAR DPWPSLWLWA PGMGLSPCLL RGMGWGTTM TTAGRATQVV VTCQRLSQTG 60  
QGGFGMT 67

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 136:

(A) LÄNGE: 180 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 136

GGACGRTAEE AARETTRRSR KMRTRREFPV ISVVGYNCG KTTLIKALTG DAAIQPRDQL 60  
FATLDVTAHA GTLPSRMTVL YVDTIGFLSQ LPHGLIESFS ATLEDVAHSD LILHVRDVSH 120  
PEAESRNAAF CPRCVACSCP PRSWTPWWRF TTRWTSCPGT APRNRTSCPC LPCGATGSRS 180

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 137:

(A) LÄNGE: 120 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 137

PWALQLHRLI GWSPNHSLFV KAELTAKQAT MKLSVCLLLV TLALCCYQAN AEFCPALVSE 60  
LLDFFFISEP LFKLSLAKFD APPEAVAAKL GVKRCTDQMS LQKRSLIAEV LVKILKKCSV 120

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:138 :

(A) LÄNGE: 226 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 138

LGNHNKHGAI SMLFIRRTVC GVVTLFFLK FFLFLNLIMI LGHDSVFSMT VASTRTRSFP 60  
RSGLPSSVKL SAPTSRTFSS RILSPHARSS SFPIKIRSSE VTFHWRLAKC TTAKSLPYCP 120  
VTIISFTFFT TSAWCLVSST GSGRTTSGQG GELRDVLGTY PGRYEVLCEL NLREADQREA 180  
APGPEGLRML WLHADSRPK VTVREDAAMA AAIFPQPRPE TETTRT 226

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:139:

(A) LÄNGE: 222 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 139

VRVSVSGRG CGKMAAAMAA SSLTVTLGRL ASACSHSILR PSGPGAASLW SASRRFNSQS 60  
TSYLPGYVPK TSLSSPPWPE VVLDPDPVEET RHHAENVVKKV NEMIVTGQYG RLFAVVHFAS 120  
RQWKVTSEDL ILIGNELDLA CGERIRLEKV LLVGADNFTL LGKPLL GKDL VRVEATVIEK 180  
TESWPRIIMR FRKRKNFKKK RIVTTPQTVL RINSIEIAPC LL 222

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:140:

- (A) LÄNGE: 181 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 140

MMVAGAGADF VMLGGMLAGH SESGGELIER DGKKYKLFYG MSSEMAMKKY AGGVAEYRYV 60  
WRPRSLVIVW RQNSWLLRGG WYSSQSRMVN RGSMLGSVEK SLGLRNPEGE DNKVFP TLRA 120  
SEGKTVEVPF KGDVEHTIRD ILGGIRSTCT YVGAAKLKEL SRRTTFIRVT QQVNPIFSEA 180  
C 181

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:141:

- (A) LÄNGE: 168 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 141

STWRQEQIGC FIMDGGDDGN LIIKKRFVSE AELDERRKRR QEEWEKVRKP EDPEECPEEV 60  
YDPRSLYERL QEQKDRKQOE YEEQFKFKNM VRGLDEDET N FLDEVSRQOE LIEQRREEE 120  
LKELKEYRNN LKKVGISQEN KKEVEKKLTV KPIETKNKFS QAKCWQEL 168

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:142:

- (A) LÄNGE: 153 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 142

```
TRKERSKEQR SRGEVEEKKH KEDKDDRRHR DDKRDSKKEK KHSRSRSRER KHSRSRSRN 60
AGKRSRSRSK EKSSKHKNES KEKSNKRSRS GSQGRDTSVE KSKKREHSPS KEKSRKRSRS 120
KERSHKRDHS DSKDQSDKHD RRRSQSIEQE SQEKQHKND ETV 153
```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:143:

- (A) LÄNGE: 131 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 143

```
KRRNIKKTKM IGGTEMTKEI PRKRKNTVEA EAEKGNTEVG VEVEMQNEV EVEAKRNQVN 60
IKMKVKKNQI NEVEVAVKEE LTVLKNQKNG NIVPAKNLE SVVEAKNVPT NEITVIVRTS 120
QTNMIVEGAK V 131
```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:144:

- (A) LÄNGE: 144 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 144

```
IFLCWDYVPV FLIFQHCQFF LDCHFDFVYL IFLYFHFYVY LISLCFYFYF VSLHFYFDSY 60
FCVSFLCFCF YCVFSLSWNL FCHLCAAYHL CLLYVSSLLP LPYFSVPWTF LFSFISSFLI 120
IVTISSSTSL IFFLSFSIPC PFYPP 144
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 145:

(A) LÄNGE: 176 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 145

```
RLHRRTGASR SSHSSDSGGS DVDLDPTDGK LFPSDGFRDC KKGDPKHGKR KRGRPRKLSK 60
EYWDCLEGKK SKHAPRGTHL WEFIRDILIH PELNEGLMKW ENRHGEGVFKF LRSEAVAQLW 120
GQKKKNSNMT YEKLGRAMRY YYKREILERV DGRRLVYKFG KNSSGWKEEE VLQSRN 176
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 146:

(A) LÄNGE: 114 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja



- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 146

```
MTCKMSQLER NIETIINTFH QYSVKLGHPD TLNQGEFKEL VRKDLQNFLK KENKNEKVIE 60
HIMEDLDTNA DKQLSFEEFI MLMARLTWAS HEKMHEGDEG PGHHHKPGLG EGTP 114
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 147:

- (A) LÄNGE: 333 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 147

```
ATLEHPALVP LQPAEMVELM FPLLLLLLPF LLYMAAPQIR KMLSSGVCTS TVQLPGKVVV 60
VTGANTGIGK ETAKELAQRG ARVYLACRDV EKGEVAKAI QTTTGNQQVL VRKDLSDTK 120
SIRAFAGFL AEEKHLHVL NNAGVMMCPY SKTADGFEMH IGVNHLGHFL LTHLLEKLEK 180
ESAPSRIVNV SSLAHLGRI HFHNLQGEKF YNAGLAYCHS KLANILFTQE LARRLKSGSV 240
TTYSVHPGTV QSELVRHSSF MRWMMWLFSF FIKTPQQGAQ TSLHCALTEG LEILSGNHFS 300
DCHVAWVSAQ ARNETIARRL WDVSCDLLGL PID 333
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 149 :

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
(A) LÄNGE: 1624 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 149 :

```

TGAGCGGGGG ATGATGGCGC CGCGGAGGGT CAGGTCGTTT CTGCGCGGGC TCCCGGCGCT 60
GCTACNTGCT GCTGCTCTTC CTCGGGCCCT GGCCCGCNTG CGAGCCACGG CGGCAAGTAC 120
TCGCGGGAGA AGAACCAGCC CAAGCCGTCC CCGAAACGCN GAGTNCCGGA GAGGAGTTCC 180
GCATGGAGAA GTTGAACCAG CTGTGGGAGA AGGCCACGCG ACTGCANTCT TCCTCCCGTG 240
AGGCTGGCCG ANGCTCCACG CTGATCTGAA GATACAGGNA GAGGGACGAA CTCGCCTNGG 300
AAGAACTAA ANGCTTGACG GCTTGGACGA AGATGGGGAG AAGGAAGCGA GACTCATACG 360
CAACCTCAAT GTCATCTTGG CCAAGTATGG TCTGGACGGA AAGAAGGACG CTCGGCAGGT 420
NGACCAGCAA CTCCTCAGT GGCACCCAGG NAAGACGGGC TNNGGATGAC CCCAGGCTGG 480
AAAAGCTGTN GGCACAAGGC GAAGACNCTC TGGGAAATTC TCCGGCGAAG AACNTGGACA 540
AGCTCTGGCG GGAGTTCCTG CATCACAAAG AGAAAGTTCA CGAGTACAAC GTCCTGCNTG 600
GAGACCCNTG AGCAGGACCG AAGAAATNCC ACGAGAACGT NCANTTAGCC CCTCGGNACC 660
TGNAGCGACA TNCAAGGGNC AGCGTCCTGC ACAGCAGNGC ACNACGGAGC NNTGAANGGA 720
GAAGCTGCGC AGNATCCAAC CANGGGCCTG GACCGCCTGC GCAGGGTCAG CCACCAGGGC 780
TACAGCACTG AGGCTGAGTT CGAGGAGCCC AGGGTGATTG ACCTGTGGGA CCTNGGCGCA 840
GTCCGCCAAC CTCACGACA AGGAGCTGGA GGC GTTCCGG GAGGAGCNTC NAAGCACNTT 900
CGAAGCCAAA ATCGNAGAAG CACANACCAC TACCAGAANG CANGCTGGAG ATTGCGCACG 960
AGAAGCTGAG GCACGCAGAG AGCGTGGGNC GANCGGCGNA GCGTGTNGAG CCGCNNAGCC1020
GCGANNGAAG CNACGCCCTG CTGGAGGGGC NGGACCNAAG GNAGCTGGGC TACACGGTGA1080
ANGAAGCATC TGCAGGANCC TGTCCGGCAG GANTCTCCAN NGAGCTCGGC ANCAACGAAN1140
CTCTGAANGG CNATTGGGGA GNCCCNAGCC CGGCANGGGA ANGAGGNNNC CNAGCGTGNA1200
ANGGACNTG NGGCTCTTGG CCNGTGGCAT TTNCCGTGGA CAGCCNGCC GTCAGGGTGG1260
CTGGGGCTGG CACNGGGTGT CGAGGCAGGA AGGATNTGTT TCTGGTGACN TGCAGCCGCT1320
GCCGTCGCGA CACANGGGCT TGGTGGTGGT AGCNATTTGG GTCTGAGATC GGCCCAGCNT1380
CTGACTGAAG GGGCTTGGNC TTCCACTCAG CATCAGCGTG GCAGTCACCA CCCCAGTNGA1440
GGACCTCGAT GTCCAGCTGC TGTCAGGTCT GATAGTCCTC TGCTNAAAAC AANCACGATT1500
TACATNAAAA AATCTTACAC ATCTGCCACC GGAAATACCA TGACAGAGT CCTTAAAAAA1560
TANGAGTGCA GTATTNNNA AACCAAAAAA AAAAAAAAAA AAAAAAAAAA AAAAAAAAAA1620
AAAA

```

1624

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 150 :

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1756 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STrang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 150 :

```

AAGCAACCTC GTTTATGTCT TATCTTTGCA TTTTCCTGTA TTCAGCTATT TTCTTAAAGG 60
AAGGCCCAGG TCTGTATTAT CCTACTGCCA CATAGGAAGT AAAATGAGTA CTCACAGCCT 120
TGCGCCTAAT CACTGAACAC AGCTTTTAGT AATGTTTTAC ACAAGAACAG GATATTGGCA 180
ACTCAACTGT TAAGCCTTTC TGTGATTATT CTTCCTTGAG ATCACTCTGA TGTACCAGT 240
GTAAATTTGAG CCTGGAGCTT TTGTTACAC TTTAAATAGC AGTCCCAGAA TGATTTCACT 300
ACAGACTCTC TGGAAAGCCT GGGAGCTGAA TTCCGGAAGA TCCCCACATC GATGAAAGCA 360
AAGCGAAGCA CCAAGCCATC ATCATGTCCA CGTCGCTACG AGTCAGCCCA TCCATCCATG 420
GCTACCACTT CGACACAGCC TCTCGTAAGA AAGCCGTGGG CAACATCTTT GAAAACACAG 480
ACCAAGAATC ACTAGAAAGG CTCTTCAGAA ACTCTGGAGA CAAGAAAGCA GAGGAGAGAG 540
CCAAGATCAT TTTTGCCATA GATCAAGATG TGGAGGAGAA AACGCGTGCC CTGATGGCCT 600
TGAAGAAGAG GACAAAAGAC AAGCTTTTCC AGTTTCTGAA ACTGCGGAAA TATTCCATCA 660
AAGTTCAGTG AAGAGAAGAG GATGGATAAG GACGTTATCC AAGAATGGAC ATTCAAAGAC 720
CAAGTGAGTT TGTGAGATTC TAACAGATGC AGCATTTTGC TGCTACCTTA CAAGCTTCTC 780
TTCTGTCAGG ACTCCAGAGG CTGGAAGGG ACCGGGACTG GAAAGGGACC AGGACTGAAC 840
AGACTGGTTA CAAAGACTCC AAACAATTTT ATGCCCTGTG CTGTTACAGA GGAGAACAAA 900
ATGCTTTCAG CAAGGATTTG AAAACTCTTC CGTCCCTGCA GGAAAGGATT GATGCTGATA 960
GAAGAGCCTG GACAGATGTA ATGAGAACTA AAGAAAACAG ATGGCTGGAG ATGACATTTA1020
TCCAGGGTCA CTTTGTTCAGG CCCTAGGACT TAAATCGAAG TTGAACTTT TTTTTTTTTT1080
AACCAAATAG ATAGGGGAGG GGAGGAGGGA GAGGGAGGAC AGGGAGAGAA AATACCATGC1140
ATAAATGTT TACTGAATTT TTATATCTGA GTGTTCAAAA TATTTCCAAG CCTGAGTATT1200
GTCTATTGGT ATAGATTTTT AGAAATCAAT AATTGATTAT TTATTTGCAC TTATTACAAT1260
GCCTGAAAAA GTGCACCACA TGGATGTTAA GTAGAAATTC AAGAAAGTAA GATGTCTTCA1320
GCAACTCAGT AAAACCTTAC GCCACCTTTT GGTTTGTAAG AGGTTTTTTA TACATTTCAA1380
ACAGGTGCA CAAAAGTTAA AATAATGGGG TCTTTTATAA ATCCAAAGTA CTGTGAAAAC1440
ATTTTACATA TTTTTTAAAT CTCTGACTA ATGCTAAAAC GTAATCTAAT TAAATTTTCA1500
ACAGTTACTG CAGTAAGCAT TAGGAAGTGA ATATGATATA CAAAATAGTT TATAAAGACT1560
CTATAGTTTC TATAATTTAT TTTACTGGCA AATGTCATGC AACAATAATA AATTATTGTA1620
AACTTTGTGA AAAATAGTCT GTGATGCTTG GTCTCAAAGG AAAAAATAAG ATGGTAAATG1680
TTGATATTTA CAAACTTTTC TAAAGATGTG TCTCTAACAA TAAAAGTTAA TTTTAGAGTA1740
AAAAAACGG CTCGAG 1756

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 151 :

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
 (A) LÄNGE: 1638 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STrang: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 151 :

```

CTCAGTATTA AGCAACAGAA AATGAGACTC ATCGTAGACT CAGCATAGAC CCATCACAGA 60
CCTGTCAGAG GCCGATTGTA AGCTCGCTGT AGACCCATGA TAGCAGACCC GTAGTCACTA 120
GCACTGGATC AAATGCAAGC TTATAAAGCA TTGGACACCT CAAGTCTAGT CGGCGAGCAG 180
GTCACAAGCT ACCTAACTAA GAAGTTTGCT GAACTACGCA GCCCAATGA GTTCAAGGTG 240
TACATGGGCC ACGGTGGGAA GCCCTGGGTC TCCGACTTCA GTCACCCTCA TTACCTGGCT 300
GGGAGAAGAG CCATGAAGAC AGTTTTTGGT GTTGAGCCAG ACTTGACCAG GGAAGGCGGC 360
AGTATTCCCG TGACCTTGAC CTTTCAGGAG GCCACGGGCA AGAACGTCAT GCTGCTGCCT 420
GTGGGGTCAG CGGATGACGG AGCCCACTCC CAGAATGAAA AGCTCAACAG GTATAACTAC 480
ATAGAGGGAA CCAAGATGCT GGCCGCGTAC CTGTATGAGG TCTCCCAGCT GAAGGACTAG 540
GCCAAGCCCT CTGTGTGCCA TCTCCAATGA GAAGGAATCC TGCCCTCACC TCACCCTTTT 600
CCAACCTGCC CAGGGAAGTG GAGGTTCCCT CTTTCCTTTC CCTCTTGTC GGTTCATCCAT 660
GACTTTAGAG AACAGACACA AGTGTATCCA GCTGTCCACG GGTGGAGCTA CCCGTTGGGC 720
TTATGAGTGA CCTGGAGTGA CAGCTGAGTC ACCCTGGGTA AGTTCTCAGA GTGGTCAGGA 780
TGGCTTGACC TGCAGAAGAT ACCCAAGGTC CAAAAGCACA AGGTCTGCGG AAAGTTCTGG 840
TTGTCGGCTG GGCACCACGG CTCACACCTA TAATCGAGCA CTTTGGGAGG CCAAGACAGG 900
AGGATCACTT GAGGCCAGGA GTCTGAGACA AGCCTAGGCA ACAAACAAG ACTCTGTCTC 960
TACAAAAAGT TTAAGAAATG AGCCAGACAT GGTGGTGTAT GCCTGTAGTC CCAGCCACTC1020
AGAAGGCTGA GGCAGGAGGA TCGCTTGAGA CCAAGAGTTT GAGCCTGCGG TGAGCTGTGA1080
ATGCACCACG GCACTCAAGC CTGGGCAATG TAGCAAGATC CTGTCTCTAC AAGAAATTTT1140
TTAAAAATGA GCCAAGTGTG GTGGTGCATG CCTGTAGTTC CAGCTACTCA GGACACTGAC1200
GTAGGAGGGT TGCTTGAGAC TGAGAGTTGG AGGCTGCGAT GAGCCATGAA TGCCCCACTG1260
CACTCCAGCC TGGGCGACAG AACGAGACCC CATCTCAAAA AAAATAAGTT CTGGTTGTCA1320
TTGAATTGGG ATAAACAGAG AGCTTGATGC TTTCTGCCTT CTGTCTCAGG TGATGCATTG1380
CACATTTGGG ATATTTGGAA AGGAAATGAG GAAAGAAATT AGGGCCTCCT CTGATCTCTC1440
GCTATCTGCG GGTCTGTGCC TTTTCTCAAG ACCTTCACCA TTAAGGTTGT TTTCTGTCT1500
TCTCTTAGT ATGATCCCTC AAAACCTCAC TAACTGGAAG GATGATTTTG TCTCAGTTTG1560
TACTCCTAAA TAAAAAGTAA ACATGACACC TCTAAAAAAA AAAAAAAAAA AAAAAAAAAA1620
AAAAAAAAA AAAAAAAA

```

1638

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 152 :

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2589 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STrang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 152 :

```
CAACCAGGGA GATTTCTCCA TTTTCCTCTT GTCTACAGTG CGGCTACAAA TCTGGGATTT 60
TTTTATTACT TCTTTTTTTT TCGAACTACA CTGGGGCTCC TTTTTTTGTG CTCGACTTTT 120
CCACCCTTTT TCCCTCCCTC CTGTGCTGCT GCTTTTTGAT CTCTTCGACT AAAATTTTTT 180
TATCCGGAGT GTATTTAATC GGTTCTGTTC TGTCCTCTCC ACCACCCCA CCCCCCTCCC 240
TCCGGTGTGT GTGCCGCTGC CGCTGTTGCC GCCCGCGCTG CTGCTGCTGC TCGCCCCGTC 300
GTTACACCAA CCCGAGGCTC TTTGTTTCCC CTCTTGATC TGTGAGTTT CTTTGTGAA 360
GAAGCCAGCA TGGGTGCCCA GTTCTCCAAG ACCGCAGCGA AGGGAGAAGC CGCCGCGGAG 420
AGGCCTGGGG AGGCGGCTGT GGCTTCGTCT CCTTCCAAAG CGAACGGACA GGAGAATGGC 480
CACGTGAAGG TAAACGGCGA CGCTTCGCCC GCGGCCGCGG AGTCGGGCGC CAAGGAGGAG 540
CTGCAGGCCA ACGGCAGCGC CCCGGCCGCC GACAAGGAGG AGCCCGCGGC CGCCGGGAGC 600
GGGGCGGCGT CGCCCTCCTC GGCCGAGAAA GGTGAGCCGG CCGCCGCCGC TGCCCCCGAG 660
GCCGGGGCCA GCCCGGTAGA GAAGGAGGCC CCCGCGGAAG GCGAGGCTGC CGAGCCCGGC 720
TCGGCCACGG CCGCGGAGGG AGAGGCCGCG TCGGCCGCTT CCTCGACTTC TTCGCCAAG 780
GCCGAGGACG GGGCCACGCC CTCGCCAGC AACGAGACCC CGAAAAAAA AAAGAAGCGC 840
TTTTCTTCA AGAAGTCTT CAAGCTGAGC GGCTTCTCCT TCAAGAAGAA CAAGAAGGAG 900
GCTGGAGAAG GCGGTGAGGC TGAGGCGCCC GCTGCCGAAG GCGGCAAGGA CGAGGCCGCC 960
GGGGGCGCAG CTGCGGCCGC CGCCGAGCGG GGCGCGGCC TCGGGGAGCA GGCAGCGGCG 1020
CCGGCGGAGG AGGCGGCAGC GGGCGAGGAG GTGGCGACCC GCAGGAGGCC 1080
AAGCCCCAGG AGGCCGCTGT CGCGCCAGAG AAGCCGCCCG CCAGCGACGA GACCAAGGCC 1140
GCCGAGGAGC CCAGCAAGGT GGAGGAGAAA AAGGCCGAGG AGGCCGGGGC CAGCGCCGCC 1200
GCCTGCGAGG CCCCCTCCGC CGCCGGGCCC GGCGCGCCC CCGAGCAGGA GGCAGCCCCC 1260
GCGGAGGAGC CCGCGGCCGC CGCAGCCTCG TCAGCCTGCG CAGCCCCCTC ACAGGAGGCC 1320
CAGCCCAGT GCAGTCCAGA AGCCCCCCCCA GCGGAGGCGG CAGAGTAAAA GAGCAAGCTT 1380
TTGTGAGATA ATCGAAGAAC TTTTCTCCCC CGTTTGTGTTG TTGGAGTGGT GCCAGGTACT 1440
GTTTGGAGA ACTTGTCTAC AACCAGGGAT TGATTTTAAA GATGTCTTT TTTATTTTAC 1500
TTTTTTTTAA GCACCAAAAT TTGTTGTTTT TTTTCTCTC CCCTCCCAC AGATCCCATC 1560
TCAAATCATT CTGTAAACCA CCATTCCAAC AGGTGAGGA GAGCTTAAAC ACCTTCTTCC 1620
TCTGCCTTGT TTCTCTTTA TTTTTTATTT TTTCGCATCA GTATTAATGT TTTTGCATAC 1680
TTTGCATCTT TATTCAAAG TGTAACCTTT CTTTGTAAT CTATGGACAT GCCCATATAT 1740
GAAGGAGATG GGTGGGTCAA AAAGGGATAT CAAATGAAGT GATAGGGGTC ACAATGGGGA 1800
AATTGAAGTG GTGCATAACA TTGCCAAAT AGTGTGCCAC TAGAAATGGT GTAAAGGCTG 1860
TCTTTTTTTT TTTTTTTAAA GAAAAGTTAT TACCATGTAT TTTGTGAGGC AGGTTTACAA 1920
CACTACAAGT CTTGAGTTAA GAAGGAAAGA GGAAAAAAGA AAAACACCA ATACCCAGAT 1980
TTAAAAAATA AAAAACGATC ATAGTCTTAG GAGTTCATTT AAACCATAGG AACTTTTCAC 2040
TTATCTCATG TTAGCTGTAC CAGTCAGTGA TTAAGTAGAA CTACAAGTTG TATAGGCTTT 2100
ATTGTTTATT GCTGGTTTAT GACCTTAATA AAGTGTAATT ATGTATTACC AGCAGGGTGT 2160
TTTTAACTGT GACTATTGTA TAAAAACAAA TCTTGATATC CAGAAGCACA TGAAGTTTGC 2220
AACTTTCCAC CCTGCCCAT TTTGTAAAAC TGCAGTCATC TTGGACCTTT TAAAACACAA 2280
ATTTTAACT CAACCAAGCT GTGATAAGTG GAATGGTTAC TGTTTATACT GTGGTATGTT 2340
TTTGATTACA GCAGATAATG CTTTCTTTTC CAGTCGTCTT TGAGAATAAA GAAAAAATAA 2400
TCTTCAGATG CAATGGTTTT GTGTAGCATC TTGTCTATCA TGTTTGTGTA ATACTGGAGA 2460
AGCTTTGACC AATTGACTT AGAGATGGAA TGTAACCTTG CTTACAAAAA TTGCTATTAA 2520
```

ACTCCTGCTT AAGGTGTCT AATTTTCTGT GAGCACACTA AAAGCGAAAA ATAAATGTGA2580  
ATAAAATGT 2589

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 153 :

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2963 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 153 :

```

CTGCAACACC ACCTTCGGTG ACGGGCCTGA CATGCTGCGC ACAGACTTGG GCGAGTCCAC 60
CGCTCGCTG GACAGCATCG TCAGGGATGA AGGGATCCAG AAGCTCGGCG TGTCCTCTGG 120
GCTGGTGAGG GGCAGCCACG GAGAGCCAGA CGCGTCCCTC ATGCCCAGGA GCTGCAAGGA 180
TCCCCCTGGC CACGATTCCG ACTCAGATAG CGAGCTGTCC CTGGATGAGC AGAGCAGCTC 240
TTACGCCTCC TCACACTCGT CAGACAGCGA GGACGATGGG GTGGGAGCTG AGGAAAAATG 300
GGACCCGGCC AGGGGCGCCG TCCACAGCAC CCCCAAAGGG GACGCTGTGG CCAACCACGT 360
TCCGGCCGGC TGGCCCCGACC CAGAGCCTGG CTGAGAGTGA CAGTGAGGAC CCCAGCGGCA 420
AGCCCCGCTT GAAGGTGGAG ACCAAGGTCA GCGTGGAGCT GCACCGCGAG GAGCAGGGCA 480
GTCACCGTGG AGAGTACCCC CCGGAACCAG GAGAGCGGGG GCGCACAGGG CTTGCTAGCA 540
GCCAGCCCCC AGAGCAGAGG AAAGGCATCT TGAAAAATAA AGTCACCTAC CCGCCGCCGC 600
TGACGCTGAC GGAGCAGACG CTGAAGGGCC GGCTCCGGGA GAAGCTGGCC GACTGTGAGC 660
AGAGCCCCAC ATCCTCGCGC ACGTCTTCCC TGGGCTCTGG CGGCCCCGAC TGCGCCATCA 720
CAGTCAAGAG CCCTGGGAGG GAGCCGGGGC GTGACCACCT CAACGGGGTG GCCATGAATG 780
TGCGCACTGG GAGCGCCAG GCCGATGGCT CCGACTCTGA AGGCAGTAAT GAAACTTCAA 840
TTTGAACCAT CAGTAATGAA ACTTCAATTT GAACCATCAG GAAACCGTGA GGCAAGCCCG 900
TCACCCACA CAGGCTGCGG CATCACCTC AGACCTTGA GCCCAAGGGG CCACTGCCCT 960
TGAAGTGGAG TGGGCCAGA GTGTGGCGGT CCCCATGGTG GCAGCCCCC GACTGATCAT1020
CCAGACACAA AGGTCTTGGT TCTCCCAGGA GCTCAGGGCC TGTCAGACCT GGTGACAAGT1080
GCCAAAGGCC ACAGGCATGA GGGAGGCGTG GACCACTGGG CCAGCACC GCAGTCTTAA1140
GACTGCAGTC AAAGCCAGAA CTGAGAGGGG ACCCCAGACT GGGCCCAGAG GCTGGCCAGA1200
GTTCAGGAAC GCCGGGCACA GACCAAAGAC CGCGGTCCAG CCCCAGCCAG GCGGGCATCT1260
CATGGCAGTG CGGACCCGTG GCTGGCAGCC CGGGCAGTCC TTTGCAAAGG CACCCCTTGT1320
CTTAAATCA CTTGCTATG TGGGAAAGGT GGAGATACTT TTATATATT GTATGGGACT1380
CTGAGGAGGT GCAACCTGTA TATATATTGC ATTCGTGCTG ACTTTGTTAT CCCGAGAGAT1440
CCATGCAATG ATCTCTTGCT GTCTTCTCTG TCAAGATTGC ACAGTTGTAC TTGAATCTGG1500

```

```

CATGTGTTGA CGAAACTGGT GCCCCAGCAG ATCAAAGGTG GGAAATACGT CAGCAGTGGG1560
GCTAAAACCA AGCGGCTAGA AGCCCTACAG CTGCCTTCGG CCAGGAAGTG AGGATGGTGT1620
GGGCCCTCCC CGCCGGCCCC CTGGGTCCCC AGTGTTCGCT GTGTGTGCGT TTGTCTCTGT1680
CTGCCATCTG CCCC GGCTGT GTGAATTCAA GACAGGGCAG TGCAGCACTA GGCAGGTGTG1740
AGGAGCCCTG CTGAGGTCAC TGTGGGGCAC GGTGCCCACA CGGCTGTCAT TTTTCACCTG1800
GTCATTCTGT GACCACCACC CCCTCCCTC ACCGCCTCCC AGGTGGCCCC GGAGCTGCAG1860
GTGGGGATGG CTTTGTCTT TGTCTCTGCT CCCC GTGGGA CCTGGGACCT TAAAGCGTTG1920
CAGGTTCCCTG ATTTGGACAG AGGTGTGGGG CCTTCCAGGC CGTTACATAC CTCCTGCCAA1980
TTCTCTAACT CTCTGAGACT GCGAGGATCT CCAGGCAGGG TTCTCCCTC TGGAGTCTGA2040
CCAATTACTT CATTTTGCTT CAAATGGCCA ATTGTGCAGA GGGACAAAGC CACAGCCACA2100
CTCTTCAACG GTTACCAAAC TGTTTTTGA AATTCACACC AAGGTCGGGC CCACTGCAGG2160
CAGCTGGCAC ACGTGGCCCC AGGGGCTGTG GAACGGGTCC CGGAACTGTC AGACATGTTT2220
GATTTTAGCG TTTCTTTGT TCTTCAAATC AGGTGCCCCA ATAAGTGATC AGCACAGCTG2280
CTTCCAAATA GGAGAAACCA TAAAATAGGA TGAAAATCAA GTAAAATGCA AAGATGTCCA2340
CACTGTTTTA AACTTGACCC TGATGAAAT GTGAGCACTG TTAGCAGATG CCTATGGGAG2400
AGGAAAAGCG TATCTGAAAA TGGTCCAGGA CAGGAGGATG AAATGAGATC CCAGAGTCTT2460
CACACCTGAA TGAATTATAC ATGTGCCCTTA CCAGGTGAGT GGTCTTTCGA AGATAAAAAA2520
CTCTAGTCCC TTAAACGTT TGCCCTGGC GTTTCCTAAG TACGAAAAGG TTTTAAAGTC2580
TTCGAACAGT CTCCTTTCAT GACTTTAACA GGATTCTGCC CCCTGAGGTG TAATTTTTTT2640
GTTCTATTTT TTTCCACGTA CTCCACAGCC AACATCACGA GGTGTAATTT TTAATTTGAT2700
CAGAACTGTT ACCAAAAAAC AACTGTCAGT TTTATTGAGA TGGGAAAAAT GTAAACCTAT2760
TTTTATTACT TAAGACTTTA TGGGAGAGAT TAGACACTGG AGGTTTTTAA CAGAACGTGT2820
ATTTATTAAT GTTCAAACA CTGGAATTAC AAATGAGAAG AGTCTACAAT AAATTAAGAT2880
TTTTGAATTT GTAAAAGAAA AAAAAGGGGG GGGAGAGGAA GGAGAGAAGA AGAAAAAAA2940
GACGAAAAAA GAGAAAGTTG TTA

```

2963

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 154 :

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 3234 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 154 :

```

CCGCAGAGGG CCGGGGCTAC GGGGCAGCCC CGGGCGATGA GGGGCCGGCG TTGACCGGGA 60
AGAGCGGGCA CCGCGGCAGT GGCTCCGAGG GGACCCGCGA TGGCAGCGCC CTGAGAGGAG 120

```

GCTCCAGGCA GGGCGGGCTG CGCTGGCAGC GGCCGCTGAG GTGCTGGCCG GCCGGCTGGC 180  
TGGCGACGGG GGCAGAAGCG ACGAGAGGCG CGCTCGGCAC CCGCACCCCC GTGCCCCCGC 240  
CTCAGTTGTC TAAACTTCGG GCTCTCTTCC ACCGTCTGCG CGCCAGAGT CAACAACCTC 300  
TTCACCCCCC TCCGCCCCCG CCCTTCCCTC CGTCAGCCCC GGGAGCTCGC CGCGGCCCGG 360  
GGACCAGGAA CCTCCAGCGC TGAGATGTGG CCGTGAGGCG TTGGCGGGCG CCGAGGAGAA 420  
GCTCGGCGGC GTCCCGGGGC CGGAGGGCCG TGGGGCCGGG GCGCAGGGGC GCGAGCACCC 480  
CGCGCCTCTC CCCCCTCTCC TCCTGCCGTC TCCGCCGCTG CCCGTGCCTT GCAAGCAGCA 540  
GCCGGAGCTG CCAAGCGTCA GGGCCGCGGA GATGTCGTCG TCGTCGCCGC CGGCGGGGGC 600  
TGCCAGCGCC GCCATCTCGG CCTCGGAGAA AGTGGACGGC TTCACCCGGA AATCGGTCCG 660  
CAAGGCGCAG AGGCAGAAGC GCTCCCAGGG CTCGTGCGAG TTTCGCAGCC AGGCAGCCA 720  
GGCAGAGCTG CACCCGCTGC CCCAGCTCAA AGATGCCACT TCAAATGAAC AACAAAGAGCT 780  
TTTCTGTGAG AAGTTGCAGC AGTGTGTAT ACTGTTTGAT TTCATGGACT CTGTTTCAGA 840  
CTTGAAGAGC AAAGAAATTA AAAGAGCAAC ACTGAATGAA CTGGTTGAGT ATGTTTCAAC 900  
TAATCGTGGT GTAATTGTTG AATCAGCGTA TTCTGATATA GTAAAAATGA TCAGTGCTAA 960  
CATCTTCCGT ACACTTCCTC CAAGTGATAA TCCAGATTTT GATCCAGAAG AGGATGAACC1020  
CACGCTTGAG GCCTCTTGGC CTCACATACA GTTGGTATAT GAATTCTTCT TGAGATTTTT1080  
GGAGAGCCCT GATTTCCAGC CTAGCATTCG AAAACGATAC ATTGATCAGA AATTCGTACA1140  
ACAGCTCCTG GAGCTTTTTG ATAGTGAAGA TCCCAGAGAA CGTGACTTCC TGAAGACTGT1200  
TCTGCACCGA ATTTATGGGA AATTTCTTGG ATTAAGAGCA TTCATCAGAA AACAAATTAA1260  
CAACATTTTC CTCAGGTTTN ATATATGAAA CAGAACATTT CAATGGTGTT GCTGAACCTC1320  
TTGAAATATT AGGAAGTATT ATCAATGGCT TTGCATTGCC ACTGAAAGCA GAACATAAAC1380  
AATTTCTAAT GAAGTTTCTT ATTCCTATGC ATACTGCAA AGGATTAGCT TTGTTTCATG1440  
CTCAGCTAGC NATATTGTGT TGTANCAGTT CCTGGAGAAA GATACAACAC TAACAGAGCC1500  
NAGTNGATCA GAGGACTGCT GAAATTTTGG CCAAAAACCT GCAGTCAGAA AGAGGTGATG1560  
TTTTTAGGAG AAATTGAAGA AATCTTAGAT GTCATTGAAC CAACACAGTT CAAAAAATT1620  
GAAGAGCCAC TTTTCAAGCA GATATCCAAG TGTGTATCCA GTTCTCATTT TCAGGTTGCA1680  
GAAAGGGCAT TGTACTTNCT NGGAATAACG AATATATTCT TAGTTTGNAT TGAGGAGAAC1740  
ATTGAAATAA TTCTGCCAAT TANTGTTTGC CAGTTTGTAC AAAATTTNCC AAAGAACT1800  
GGNAATCCGA CCATTGNTAG CACTNGGTAT ACAATGTGCT GAAAAACCTA ATGNNAAATN1860  
GAATGGCAAG CTTTTCGATG ACCTTACTAG CTCATACAAA GCTGAAAGAC AGAGAGAGAA1920  
AAAGAAGGAA TTGGAACGTG AAGAATTATG GAAAAAATTA GAGGAGCTAA AGCTAAAGAA1980  
AGCTCTAGAA AAACAGAATA GTGCTTACAA CATGCACAGT ATTCTCAGCA ATACAGTGC2040  
CGAATAAAAA AAAAGCCTCC CACCTCTGCC GGATAGGCAG AGNNTTTTGT ATGCTTTTTT2100  
GAAATATGTA AAAATTACAA AACAAACCTC ATCAGTATAA TATAATTNAA AAGGCCAATT2160  
TTTTNCTNGG CAACTGTNAA ATGGAAAAAT ATATNNNGGA CTAAACGTNA GCCCTGTGNC2220  
TGTATCATGG CCATAGTATA TTGTAACCTT TGTCTAATCA TTGGATTAT TGTGCTACTT2280  
CTGAAGTTTC ACAGAAATGA ATGAATTTTA TCATCTATGA TATGAGTGAG ATAATTATGG2340  
GAGTGGTAAG AATTATGACT TGAATCTTC TTTGATTGTG TTGCACATAG ATATGGNTAG2400  
TCTGCTCTGT ATATTTTCC CTTTTATAAT GTGCTTTTCA CACTGCTGCA ANACCTTAGT2460  
TACATCCTAG GAAAAAATAC TTCTTAAAT AAAACTAAGG TATCATCCTT ACCCNTTCTC2520  
TTTGTCTCAC CCAGNAAATA TGATNNGGGG GGAATTACCT GCCCTNAACC CCTCCCTCAA2580  
TAAATACATT ACTGTACTCT GGNAATTTAN GGCAAAACCT NTAAATCTNN CCAGGCTTTT2640  
TAAAGNCACA AAATNATAAA TAAAAGCTGG GAAAGTAAAC CAAAATCTT CAGATTGTTT2700  
CTCATGAATA TCCCCCNTTC CTCTNGCNAA TTCTNCCAGA GTGGTAANCA GATGGGTAGA2760  
GGCNAGCTCN AGGTGAATTA CCCNAGCTTG CCTNCTNCAA NTTNCATTCC NTCTCTTNC2820  
CTCTNCAAN GGCTNGANAG GCAGGGCCTT TNCCAGTCCT CACAACCTGT CTTNCCANCC2880  
TAGNTCCCTC CTGANNCCCA NGGGATGGNA GGNCTTTNGA GNTCCACAG TGTNGGNTGA2940  
TNACAGAGCA CNTAGTTGTN CACTGNCCTG GCTTTATTTA AAGGAACTGC AGTAGGCTTC3000  
CTCTGTAGAG CTCTGAAAAG GTTGACTATA TAGAGGTCTT GTANTGTTT TACTTGGTCA3060  
AGTATTCTC ACATCTTTTG TTATCAGAGT ACCATTCCNA ATCTCTTAAC TTGCAGTTGT3120  
GTGGAAAAC GTTTTGTAAAT GAAAGATCTT CATTGGGGGA TTGAGCAGCA TTTAATAAG3180  
TCTATGTTG TATTTTGCC TAAAAAATA AAAAAAATA AAGGGGGGTA GCCA 3234

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 155 :

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:



- (A) LÄNGE: 3080 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRang: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 155 :

```

GCGCAGGCGC AGTGGTGAGC GGCAACATGG CGTCCAGGTC TAAGCGGCGT GCCGTGGAAA 60
GTGGGGTTCC GCAGCCGCCG GATCCCCCAG TCCAGCGCGA CGAGGAAGAG GAAAAAGAAG 120
TCGAAAATGA GGATGAAGAC GATGATGACA GTGACAAGGA AAAGGATGAA GAGGACGAGG 180
TCATTGACGA GGAAGTGAAT ATTGAATTTG AAGCTTATTC CCTATCAGAT AATGATTATG 240
ACGGAATTAA GAAATTACTG CAGCAGCTTT TTCTAAAGGC TCCTGTGAAC ACTGCAGAAC 300
TAACAGATCT CTTAATTCAA CAGAACCATA TTGGGAGTGT GATTAAGCAA ACGGATGTTT 360
CAGAAGACAG CAATGATGAT ATGGATGAAG ATGAGGTTTT TGGTTTCATA AGCCTTTTAA 420
ATTTAACTGA AAGAAAGGGT ACCCAGTGTG TTGAACAAAT TCAAGAGTTG GTTCTACGCT 480
TCTGTGAGAA GAACTGTGAA AAGAGCATGG TTGAACAGCT GGACAAGTTT TTAAATGACA 540
CCACCAAGCC TGTGGGCCTT CTCCTAAGTG AAAGATTTCAT TAATGTCCCT CCACAGATCG 600
CTCTGCCCAT GTACCAGCAG CTTCAGAAAG AACTGGCGGG GGCACACAGA ACCAATAAGC 660
CATGTGGGAA GTGCTACTTT TACCTTCTGA TTAGTAAGAC ATTTGTGGAA GCAGGAAAAA 720
ACAATTCCAA AAAGAAACCT AGCAACAAAA AGAAAGCTGC GTTAATGTTT GCAAATGCAG 780
AGGAAGAATT TTTCTATGAG AAGGCAATTC TCAAGTTCAA CTAAGTCAAGT CAGGAGGAGA 840
GCGACACTTG TCTGGGAGGC AAATGGTCTT TTGATGACGT ACCAATGACG CCCTTGCGAA 900
CTGTGATGTT AATTCCAGGC GACAAGATGA ACGAAATCAT GGATAAACTG AAAGAATATC 960
TATCTGTCTA ACCCATTTCC AATGGACAGT GATGGGCTTG TTTTGTGAAA ATTACCAGAA1020
AACTCAGTGG AGATTTACTG AAAAAGTCAG ACTTTATTCA GATTAAGTTC CTCTACAAAA1080
AGTAGGGTTC TGTCCCATGT GTCTCTGACA CATTTACAAA ATACCAGTTT TTTAAAATTT1140
TGGTCAAATT ATGAGTGGTT GATTTAAAAA CTTTTCCAAG AAGAAGAAAA GCATGGAGTC1200
GTAATTTAAA GAACTCAATA AAAACTTCTA TTTTTTATTT TAAAATAATA TACACAGTGT1260
TATTTTCTTC AAGACCGTCC TGTGGATGTG AAATCCGTCT TCGCGTCATG TATCTCCCAT1320
ATCCAGCAGT TCAGCCATCC AGCTACCTTT GGGACCTGCG TGCACCTTGT GTTTGCTGGG1380
GAGTCACTGG AGAGTGCATC TCTGTTCAAG TTCAGGGCAC GTCTCACACA TTTGCTGTTC1440
CTTATTTCATT GTTGACACAG GGGATAGGTG ATCCACTACT TGCTGTAGAA TGTCCTTACT1500
TTCACTAGGA GGCAGATTAC TGAATAGTA TTGTGGTACC AGCTGCATAA ATAGTTCAGG1560
AGAGATTTCT GAGGTAATCC TGATGTAGTT GTTCTCAGAA ATGCTGAATT TATGGAAGAG1620
GACCCACTCT GGCATCTTCT TGGTGATTGA GTAACCAGAC AGGGGATGCA GCTGAGCAAC1680
CTGCTTATGT GTGAGCATTG AGTAGTTACC TGATCCATCA ACATCCCGAG CAATCTGCAT1740
AAAGTAACCG GACAGAAGAG CTTTCTTTAT GTTTAGAGTG TTTTCTTGG AGCCAAAAGC1800
AGGTTCTGCA TAGGGAAGCT CGATTGCTT GATAATTTCT AAGAGTTCAG CTCGAATAAC1860
ATCTGCCATT CTGAGTGCTG AACAGTTGAG GAAGTAATCA CGACACCACT TTTCCACACA1920

```

```

GTACTCACTG CTAGAATTCA GAGTTGTGTC TTGGTAAGCC TTGTAAATGC TGATGAGGGT1980
AAAGTGATCT CCTTCGGGAT GTAAAAATGT CTTCCAACAA GTCAAGGCAG CCTCTTCAGC2040
TCCATGTGGC ACATGTGAAA AGCAATTTGG AGCTGTTACC ATGGCCGCGA TTGTTAGCAC2100
TTCATCTACA CAGTCAAATT CACAGGACGC TAAGATAGAC TTCGAGAGTT GTGGATCAAG2160
AGGAAACTCT GACATGATGA TTCCAAATTC AGAAAGATTT CCATCATTAT CCAGTGCTGC2220
CAGATAATCT AAGTCTTCCA ATGCCTGCAT CAAACTTTCT GGTGCTGGTC TGTTTCATGAA2280
GTCACAGTGG CCTAGGCCCG CAATGTCTAT CCTCTTCATA AAAAGCACCA TGCTTGTTAG2340
GTTGGCTTCC TGCATTTCTG CTGGCTTCAG TGGCGTCATG TCTTTGGAGG CAAATTCCTC2400
AGTGTACAGG CAGAAAAATT TTCCTGAAGA AGATGAGCCA AGAATCTGCT TCGGTATCTC2460
TGCCTGGCTC TGGCTGATGG GCTGCATGAC GAGCGAGTTT GCTCTTATTC TCGGGTTGTA2520
CACCTTTCTT CTTTCCACAC CCACATCGAT AACAAATCTG ACTGAGTTGC TCCAGATCAA2580
AAACTCTCCA GAGCTAGTAG TTAACACCAC TCTTCTTTGA TAAACTTGGC ATCTTTTTTC2640
TGTTTTCATCG AGTGGCTTGA ACAATGAACA TTTCTCTTTT GGATACAAAG GAACAACCAC2700
CAGTTCTCCA AGATCTGGGT TTAGGTTAGA TCCTTGATAG ACAGTTTCAC AGACTTTC2760
AATATCTTGT TCACAGGCCA GAAAGACTAC AATGTCACCT TTCTCACCCG AGTGGTGAAT2820
TTCAAAGATA AGGCGTAAAA TAGACTCAAA AGAATCCTTT TGAGCCTCAC TAAGGTACAC2880
AACCTCCACA GGGTGTATTAT TTTTCACTTC TATGACAGGC ACGTTTCCAT AATAAGAATT2940
GAGTTTGCTG ATCAGGTGAG GTGAGGAGTT AATTATGAGC TTCAGTTCTG GTCTTGCTAG3000
TAAACATCT TTAAGAAGTC CAAGTAACAC ATCAGTTGCA ATGCTTCTTT CATGAATATC3060
ATCTAAGATG ATGACCCCAT
3080

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 156 :

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2407 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

## (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

## (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 156 :

```

GAGTGAGTGA GTGTGTTGCA TCGAATTAAG GACTCTTGAA GAGAAGAGAG GTCCATTTCAG 60
GGTTGTCCAG ATTGAAGTGA GGTCTCACGG TGAAAAGAAA AGGAAAATAT TCAGACTCTC 120
TTGAAATCCA AAGAGCAAGA AGTAAATGAA CTTCTGCAA AATTCCAGCA AGCTCAGGAA 180
GAACCTGTCAG AAATGAAAAG ATACTCTGAG AGCTCTTCAA AACTGGAGGA AGATAAAGAT 240
AAAAAGATAA ATGAGATGTC GAAGGAAGTC ACCAAATTGA AGGAGGCCTT GAACAGCCTC 300
TCCAGCTCTT CCTACTCAAC AAGCTCATCC AAAAGGCAGA GTCAGCAGCT GGAGGCGCTG 360
CAGCAGCAAG TCAAACAGCT CCAGAACCAG CTGGCGGAAT GCAAGAAACA ACACCAAGGAG 420

```

```

GTCATATCAG TTTACAGAAT GCATCTTCTG TATGCTGTGC AGGGCCAGAT GGATGAAGAT 480
GTCCAGAAAG TACTGAAGCA AATCCTTACC ATGTGTAAAA ACCAGTCTCA AAAGAAGTAA 540
AGTGGATTCC TTGGCAGGAC ACTGCCCTT GTCATCTGTC TTTGTGTTAG ATCCAGAGTT 600
GTCGGCAGCC GCTGCCATTG TTCTCATTCG TGGTATGCAC TGTGGCCTAG CGTAGTTCTT 660
CCCTTTCCAA AGGTTTCTGA GGAATTCTCC CAGGAGAAGA CTGCCCCTCT CAGAACTGCT 720
TAGAGACTTC AAACCAGCAG AGGTGAAAAGT CCCTGTCATC CCTTCAGATT CCAGAGCTGG 780
GATCAGCCAT GCCCAGAGGT CTGGTCCTGA TGCTGGCAGG GGGGCCCCCT CCTCCATCCC 840
TGA CTGGCTG AGTGGCTTTA TCACCACCGA GTGATGTGCT GAGGCCTCCT GCAGTGAATG 900
CTCCTTCCAT TCCTGTACTC GGGCAGTGCC ATTCAGCACA GGAGAGCTCT TTTTGCCTTT 960
GGCTTTCAAT TCCAAAACAT GATTTAATTT CTAATAAAT TAGTATGGCA CTAGTTATGA1020
AGTATCTGCT TAAAACCTT CATCATGATA TCCTGTGGAT TAAAAAATC TAATTCCATG1080
TTTTCTTCCC ATCTGCCTTA TATATCTCAT CACCCTGCTT ATCAATATTC AGTTTGATGA1140
GCACTATTAA CTAAAAATG AAACCTAAAA GTTGTCTTA AAAGTTCTTT1200
TTTTAAGTAA ATTGTTGACA TACTGCAAAT TTTCTATGCA AACTTGCCTC CTGCTGTTAT1260
CTGTGAAGCT CAGGAAATCC AAACATTTGT GTTTCACAA GGGACAGTAA ACTGTGTGTT1320
TACAGCCAAA AGAAATGCCT CATAGTTCTT AACCTCACT TTTGTAGAAG TATTTTTTTC1380
TCTGTAATAT TTTTATTGGC TCATAAAGAT GTTTTCATAT CTGAACCTCT AAATAAGTGA1440
AATTACAGTA GATTATATTA ACAAATACT TTTTAGGTAG CCATGCTTGA GACTTTTTTAA1500
AAATATACT TTTTCCTTAA AGTTTTTCAGC TATAGCAAAA GG TAGTTATG TATGCCAGAC1560
CTAATATGAG CTGCCACCAA CACCCTAGA ACTTTACGCC ATGGTGTCTT CAGAATTGTA1620
GCGCATTTCT GAATCTAGCA AATCCTCCTT TTACCCGTTG AATGTTTTGA ATGCCCTGAC1680
TCTACCAGCG CCCATAAATG ATCTCTAGAA GGACTGTTAG TACCAATCTG TTTTCAACT1740
TTGAAGCTAA AAACCCTGAT ATGGTAATAT TATGGTGCAT AGCAGAGGTC TCGGAAAAAA1800
AATATTTCTG TTCACTTTAC TTTTCAGGTTA AAAATGTTTC TAACACGCTT GCAACTTCCC1860
TTATGGCATT AATCTTGTG AGGGAGAGAG ACAGAATCCT GGACTCTCCA AAGTATTTAA1920
CTGAAAGTAG GGCCTGCTCT GACAGGGCCC ATGTCCCACA AGGCTGCTTG GCCTCAGTGG1980
GTGCTTGGCT GTGCTGGATG ATATGTTGAT CTGTATTGGA TAAGGACCAA TGACAGCAAA2040
GCAAAAATGG CTTTAAAGCT TGGTGTTACT TTTCTTAAGT TGTTTAATTA TAGTTAAGCA2100
ATTTCAAAAA TGCTCCAAAG AAATGTGAAA GGACCTTTTG TCACAGCACT TCAGAAAAATA2160
CACACAGCC CTTCTGCCC CCGCACAGAA ATGCTGCAGA GTATATAAAA CTTGAGACAT2220
TTTTGTAGGA TGCCTGACGA GGTGTAGCCT TTTATCTTGT TTCCGGATGC ATATTTATTA2280
CGAGTACTCT GGTAAATAT TGAAAAGTTA TATGCTGTAG TTTTGTAGTAT TTTGTCTTTG2340
TAATTTACAG AAGTTATTGG AGAAAATAAA CTGTTTTCAT TTTGCAAAAA AAAAAAAAAA2400
ATGAAAA
2407

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 157 :

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1625 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

## (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

## (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

## (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 157 :

```

TTTTTTTTTT TTTTTTTTTT TTTTTTTTTT TTTTTTTTTT AGGTCATCTA GTTGATTGT 60
ATCAGAACAA GCAAGGAAAT CCCATAATGT TCTTTCACCT GTTTTACCT ATAAGATTTT 120
GCAACCAAAG ACTTTCGGCT AAGATGGCCA CAGGACATTT AACTTGTAAG GGCTAGTATG 180
AAGGTACTAC AGGTATAATG CACATCATCT AGCCCACCAG GAAGGAAATA TGCTTAATAA 240
CTTGCCCCAG GCTGTCCCAG GACAAGGATC TCTAGAGAAA AGACAACCTA CAGACTAGTT 300
GCTTGCTGTT TTCCAAAACA TTTGTTGGAA GAAATCACAT GACACATGTA TCAGGAACAT 360
TTTCTAATTA TGTATATAAA TGGATATGTG ATATGTGTGC TATTTGTGTG CTAATGTCCT 420
AAGTGAAGTT CTGCAGACCA TCTGGGTCAA AGTGCATTTC GCATGATCAA AAATGAAGAA 480
CCACTGGTTG TCACGGAGAC AGGGAAAAAA AAAAGAATGG GGAAAAATGC ATGACAGAGT 540
CTTTACTTTT AAATGATTAT CGATACACCA AGTAATACAT GTAACAAGTT CTGAATTCT 600
ATCATCTAGT AATTTTGATT AAGAGAAACT AAAAGCAGCC CAAACAATTC CACTAGTATT 660
CACTGTTCTA ACCATTAGCA AGAATGGACT ACTTTAAGGC TGGCTGCTGC TTCACACAGG 720
TTACAAAGAA CTATTTACTA CTTTTTCATA GATAAAGCCC CTGACCTTCA AGAAAGTGTT 780
AGGGAAAAAA ATTATTTAAT CCCTTCCTTT CTTCAAAGAA TTGTTATGTG GTTTTTTTTT 840
TTTTTAACT AGATCTAAGA AAGAAAAAGT CAACACTGAT ATACATGTTG CTGAGCCAA 900
AAGACATAGG AAAAAAAGAC AACATATAAC CATTAAATTC CTAAGAAATA TGAGGTAAAA 960
AGATGAAATC TTAGATAAT TTCTAAGTCT GTACAAAAAA GCTAGATTGG CTACTCTCCA1020
AAAAGTGGA GACCTATTA TATAATATAT GGAAATAATT TAATGCCATA TCATAAGAAT1080
GTAAC TAGAG CTGTGCTAAG CTTCATATTC GTGAGGGCAT CTAATATGCC ACTCCACAGC1140
ACAGGTGCTT CTCTCTTCTA TCCATTTATG CGGTAGTTTT CATGGATTTC TGGCCGAATG1200
TCACAGACAA AAGCCAAGAG GTTGTCCAAG ACTTCATCCC TGTTCTGCCG GAAGTATGTC1260
TGGAGGATGG TCATCTTCTC CTGGGTCTCC TTCTCCACTT CAGTGCTGCA ACTGCCACGG1320
GATCCCAATG CCGCAGCTTC CTTGGCCTTG AATTCTTTCT CCCTCTGCAG GCGGTACTGT1380
TCAATTTTCA CCTGAGCTTC TTCTTTGGCC TGCTTCAGCC TCCGGTTCTT TCTTTTGC GG1440
GCCTCGGACA CCTTCTCGGC TGCCCGCTTC TCGGCCTGCA GCAGCTGCTG AATCCCCTGA1500
GACTGACTAG CCATGGCGGC AGCGATTCTG AGAGCAAGGC AAGCGGCCTA AGGCACCTCG1560
AAGGCCCTT GGGTCAGCTG ACACAGCCGC CCACAATCTG CGCTTGCTCC TTGCGCCTGC1620
CTTCG

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 158 :

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1402 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

## (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

## (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 158 :

```

TAAAGCTGCG GCGGCGGTTT GCGTTTCTCG TGTCCGCTTG ACTGACAGCT GCGCGGCGGG 60
AGCGGGCGGC GCGAGCGGGA GCGGGCGGCG CAGAGCTTGG GGCTTCCTTG GTCGCACCCA 120
CCACCTGCCT GCCCACTGGT CAGCCTTCAG GGACCCTGAG CACCGCCTGG TCTCTTTCCT 180
GTGGCCAGCC CAGAACTGAA GCGCTGCGGC ATGGCGCGCG CCTGCCTCCA GGCCGTCAAG 240
TACCTCATGT TCGCCTTCAA CCTGCTCTTC TGGCTGGGAG GCTGTGGCGT GCTGGGTGTC 300
GGCATCTGGC TGGCCGCCAC ACAGGGGAGC TTCGCCACGC TGTCCTCTTC CTTCCCGTCC 360
CTGTCGGCTG CCAACCTGCT CATCATCACC GGCCTCTTGG TCATGGCCAT CGGCTTCGTG 420
GGTGCCCTGG GTGCCATCAA GGAGAACAAG TGCTCCTGCG TCACTTCTTT CCGGTGCTGC 480
TGGTGTTTCT GCTGGAGGCC ACCATCGCCA TCTCTTCTT CGCCTACACG GACAAGATTG 540
ACAGGTATGC CCAGCAAGAC CTGAAGAAAG GCTTGACCT GTACGGCACG CAGGGCAACG 600
TGGGCCTCAC CAACGCCTGG AGCATCATCC AGACCGACTT CCGCTGCTGT GCGCTCTCCA 660
ACTACACTGA CTGGTTTCGAG GTGTACAACG CCACGCGGGT ACCTGACTCC TGCTGCTTGG 720
AGTTCACTGA GAGCTGTGGG CTGCACGCCC CCGGCACCTG GTGGAAGGCG CCGTGCTACG 780
AGACGGTGAA GGTGTGGCTT CAGGAGAACC TGCTGGCTGT GGGCATCTTT GGGCTGTGCA 840
CGGCGCTGGT GCAGATCCTG GGCCTGACCT TCGCCATGAC CATGTACTGC CAAGTGGTCA 900
AGGCAGACAC CTACTGCGCG TAGGCCGCCA ACCGCCGCT TCTCTGCCAA AAGGACGCCC 960
ACGGGGAGAT GGCCGCACCC ACAGCTGCCT TCCCCACCAC CAGCCTCGGT GCTCTGCCCC1020
ATGCTGGGAG GAGGGAGGGA GGGACAGGTG CCTGGAGCCC CCGGAACCCCT GTTTCTGGAA1080
GGCCCTGGCT CAGGTGGCTT CAGGGCCTCC GGACCCCCC TGGGAGGGGT GGCCACGTGC1140
TGGCTGCGGA ACCCAGGGCA GGGGTGGGAG GGGCCTCCAG CACTTTTAT ATTTACGTAT1200
TCTCCAAAGC AGTGTTCACA CGGGAGCCAG CCTGTGGCCC CCAGCCTCCT GGAACACAGG1260
TTGGCGCTGG AGGAGCCGGG TCTTGGCATC CTGGAGGTGG CCCCACTGGT CCTGGTGCTC1320
CAGGCGGGGC CGTGGACCCC TCACCTACAT TCCATAGTGG GCCCGTGGGG CTCCTGGTGCT1380
ATCTTAATAA AGTGTGAGCA GC 1402

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 159 :

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
(A) LÄNGE: 2159 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRang: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 159 :

```

TAGAATATTC ATGTGAGTTC ATTCCTCCCT GCTGAGATTG TTCAGCTCCT CCTTCCCTGC 60
TATACCGACT GGACTTGAAC ACTAAGTCTT CAATAGCTGA GATTCTCCAT CTTAATCTAC 120
TTGGAGGCAA GAGCAGATTG GTTGTTCAT TATGGATGGA GGGGATGATG GTAACCTTAT 180
TATCAAAAAG AGGTTTGTGT CTGAGGCAGA ACTAGATGAA CGGCGCAAAA GGAGGCAAGA 240
AGAATGGGAG AAAGTTCGAA AACCTGAAGA TCCAGAAGAA TGTCCAGAGG AGGTTTATGA 300
CCCTCGATCT CTATATGAAA GGCTACAGGA ACAGAAGGAC AGGAAGCAGC AGGAGTACGA 360
GGAACAGTTC AAATTCAAAA ACATGGTAAG AGGCTTAGAT GAAGATGAGA CCAACTTCCT 420
TGATGAGGTT TCTCGACAGC AGGAACTAAT AGAAAAGCAA CGAAGAGAAG AAGAACTGAA 480
AGAAGTGAAG GAATACAGAA ATAACCTCAA GAAGGTGGA ATTTCTCAAG AGAACAAGAA 540
GGAAGTGGAA AAGAACTGA CTGTGAAGCC TATAGAAACC AAGAACAAGT TCTCCCAGGC 600
GAAGTGTGG CAGGAGCTGT GAAGCATAAG AGCTCAGAGA GTGGCAACAG TGTGAAAAGA 660
CTGAAACCGG ACCCTGAGCC AGATGACAAG AATCAAGAGC CCTCATCCTG CAAGTCTCTC 720
GGAAACACCT CCCTGAGTGG CCCTCCATC CACTGCCCT CTGCTGCAGT ATGTATCGGC 780
ATCCTCCAG GCCTGGGTGC TACTCTGGG AGCAGCGACT CCGAGTCCAG CTCAGACAGC 840
GAAGGCACCA TCAATGCCAC CGGAAAGATT GTCTCCTCCA TCTTCGAAC CAACACCTTC 900
CTCGAGGCCC CCTAGTTTCT CGTCCCTAC ACAGGAGCT CCTCCCAAG GGTAGATCGG 960
ACCGTTCATG CTGCCTATAG GCATTATGTC CCTCAAAAAA AAACCTCTTT GCCTGCATCC1020
TGTGTACAAC ATGACATTTT TAACCAATCC AATCTAAAAA TGTGCCAGAA TCCACCTGTG1080
GCCCCAATCG TGTTTGGTTC CTCTTCTAC TCCACTGCAG ATGACCAAAC CTGTCCCGCT1140
GCCACTTTC TCACTGATAT TGGGAGGAGG GCAAGGCCCA GCCGAAGTTC CACTAAAAAT1200
GCCCCAGGAG AATAGGCACC GGCTGGCTTG CCAAAGGGTT TGGGTTTAT TGCTTTCTGT1260
TTTTTCTTT CCCGACAGCA CAAAGAAGTA AGGGCAGTTA TTGGACAGGT GTTATTTAA1320
CATTCTATTG TAAATGAATG TGTGTTTGG TTCTACTGCA TTGTGGAGCA TGCGGGGGA1380
GAGAACTGAC CCAGGTAATG AAATGGAGCC CTTCCCTGGA ACTAACCAGT CTTGATGTT1440
GTGTGACTAA GTAAAGATGA TAAACCCCAT CTGCTGGGGG TGTCACCTCA CACTCGGCAT1500
GCATTGTGAA AGCTTTCCAT ACCCTTGGCC ATTCCCTCTC TCCTCTCTCT CCAACCCCAT1560
TTATGCAGGA AGGGACTGCT AACAAGAACG CTTCCATCTC AAACCTTTTC TCTGCCTGGG1620
AAATTATTTT ATGTTTGTTC TTGAAATAAA GGATTTAGTT TAAGATTCTA AATTTTAGAG1680
AAACAAACGT AGGCCTTGTT TACTAATAGC CAGACATCAG AACTGCAGGT AGGTATGTTA1740
ATGAGATGAC TTATTTCTGG CAGCTCCTGG AATCCTAATA TTGTAAATGA GTGGGACACA1800
CTTGCAATAT GTGACCATT CATTGAGGCC CTTCTCTGTT TAATGCATAT TATACTTGTG1860
CTTTTAACTG TGAATCTAT TTCTAACCTA AAGGTGCTGC CCTAGTACTT TTCTTTTGCT1920
GCCTCTGCTG CTCTTTTTC TTTTCCAAAC AGCAAACCTC GAGGCCATGA GCAGCCAAAA1980
ACTAGAGGTA CTGCTCCACC TCGTCTCATA AAGGGAAACG GGCTCATCCC TTGGATTCTG2040
GAGGAGGGAG AGGGAGATGG TGTGGAGGCT CGAGGACAGA GAGAGACATG AGTTTGACAA2100
CAATCTGTAG GCCGCCTGGC TTAGAATAAG CAGTACCTTC TTATCATTCC GCTATTCCC 2159

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 160 :

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2795 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

## (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

## (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 160 :

```
TCACCCGCCT TAGAAAATTC AAAGAAAGAT GGAAGGAAA GTCCTGAGGA ATATAGACAG 60
ACATTTTTTAA CCGCAGACGT TTAAAGGTCT CCAAAGAAAT CTCGGAGTCC ACGGGAGTCC 120
CCCAAGAAGG CCAAGAAGTT AGAAGTCATC ATCGGGAAGC CCCAGGGGTC TTCTAGTTTT 180
GACAGAGAAT TAGAAAGAGA GAAAGAACCC CAGCGACTAG AGCGTGAAGC CAAAGAAAGG 240
GAGAAAGAAC GGCGAAGATC CCGAAGTATT GACCGGGGGT TAGAACGCAG GCGCAGCAGA 300
AGTAGGGAAA GGCATAGAAG TCGCAGTCGA AGTCGTGATA GGAAAGGGGA TAGAAGGGAC 360
AGGGATCGAG AAAGAGAGAA AGAAATGAG AGAGGTAGAA GACGAGATCG TGAATATGAT 420
AAGGAAAGAG GAAATGAACG AGAAAAGAAA GGTCCAAGGA ACAGAGAAGT AGGGGAGAGG 480
TAGAAGAGAA GAAACATAAA GAAGACAAAG ATGATAGGCG GCACAGAGAT GACAAAAGAG 540
ATTCCAAGAA AGAGAAAAAA CACAGTAGAA GCAGAAGCAG AGAAAGGAAA CACAGAAGTA 600
GGAGTCGAAG TAGAAATGCA GGGAAACGAA GTAGAAGTAG AAGCAAAGAG AAATCAAGTA 660
AACATAAAAA TGAAAGTAAA GAAAAATCAA ATAAACGAAG TCGAAGTGGC AGTCAAGGAA 720
GAACTGACAG TGTGAAAAA TCAAAAAAAC GGAACATAG TCCCAGCAA GAAAAATCTA 780
GAAAGCGTAG TAGAAGCAA GAACGTTCCT ACAACGAGA TCACAGTGT AGTAAGGACC 840
AGTCAGACAA ACATGATCGT CGAAGGAGCC AAAGTATAGA ACAAGAGAGC CAAGAAAAAC 900
AGCATAAAAA CAAAGATGAG ACTGTGTGAA AATATTTTGT AAAAGTGGAT CACATTGAAT 960
CCTATAAATG ATTAAATCTG CTTTTTCCC CCACGTTGAG ATTGTGCAGT AGTTCGCACT1020
CCTCAAGCTC TCCCTGTAGG CTGCATTTTC ATTTCCCTCT TCGTGTAGGG AAGTGCCTTT1080
GTAATTCCAT TTATTGCATT GGTGTTTTCA CCCAATTGTT AAGTTTGATA CATGATGCAC1140
AGATTGTTCT TGCATTTTTA TTGTTTGTTT TTGAAATGTA CAGTCTGTAC ATATGTCCTG1200
AAAATGTTTT AATTCCTTTG GCATGGTTGC CATGTTGGTT AAATTTGTAT AAGGCAATAA1260
ACTGCCACTA ATCTATTTTT GTTTTGTAGG TGTGGGATTA TGGTTTGTGT ACTGAAAGTTA1320
GCATGGCTGT GCTTTTCGTA ATAGAATGCT AAAGACTTTG AGAATGGATC TTGGATGTCT1380
ATTATAGGAG AAGTATGTGC TGCCAATGTA CAAGAAGGCA GCATTGTAGG ATTAACATTC1440
TTGTCTACTG TATATTATCT TGGAAGGCTC TTGTTAATAT GTTACACTTA ATATTCTCCA1500
CAGTTACCTT TAGAGAGAAT TTATGAGAAG TTAGTTTCTG ATGCAGAGGT TTTTAGGCTG1560
TGATTTTCATC AAAAGTCCTT TTAGCATTCT ACCTCAAAGG GACACTTAGT ATGCCTAAAA1620
TTTATTCACT TAGTTTTCTT TTTTATTTG AAAAAATACA TGACATGTAA TCTTTTTTTC1680
TTGAATTCTT TCTCAGATTT TAAAGTACTA TATTTAAAGAA AAAAATTAAT GTCTAAAGCC1740
TAGCATTCTT GCAGAACCCT ATACTAACAT GTAATGGGGA GAGGGTGGGG CAGATGAGTA1800
GAGAAACAGA TTCAAGCCTC AAGCTTCCAA AGCATTTTTA TAAATGGAAT ATCCTTAAAT1860
TATGAACAGC CTTGATATAG TGTCTTTTTT TTAAATTC AACTTTTTTT TATTGATAAT1920
GGAGATTGCT GTTTGAGTTT TTAAACTTAA TCTAGAACAG AGGAGTATTA AAAGTAATGC1980
TGTGCTGCAT TATTTAAGAC TATCAGCAAA TTATTTGATA GATTGTTCTT ACAACTTGTA2040
TTCTGATTAC AGAACCATCA TGAGTGTGGA ATAAATACTG GATTAAATCC TTTATCCTGG2100
GTCTTGGCTT TTCCCCCAT TGTAAATTT TTTTAGCATA TTTATATTGT GGAAATTGAT2160
GAAACGTCAG TAGAGTCACA CTTTGTGTAC AGGGATGTCT TAGTGCCAG ATGACAAGTG2220
AATTTTGGAG AAATGCATAG ACTGGGATTG GGCATGTGGT AATCAATAAT CTTTATTAGA2280
ATACTTGATA ATGGCAGTTC CCTTTGTCAG TGGTTGTTAC ATGTGTCATT TGATTACTTT2340
GTTCCATGTC AAAGACGTTT ATTGGGATAC CTTTACTTG GACAATATGT TAGCATTTTT2400
TAAATTTTGG ACTTGAAATT CTTTAAGATA ATTCACCCAA TTCTTTTTAG AAAAGAAAAT2460
AGAGGCCCAA AGTAATGATG TCAGTGCTAG GGCTAAACT CAGTATTCTG AACTGTAGT2520
GAACCTGGCA CGCACATTGA GGTTTGTTTT ATCTCACTGG TTATACTGGC CAACTAATGC2580
GCACTCAGAA GCCACCTTGC AAAAATGTTA AATGGAGCAA ACGAGTACAC TTGCAAGAGT2640
```

CCTCCATATG TGGGCTTAAC ATATGTACCA CTCCATTTTA GAAAAATCTC ATTAAATGAA2700  
 TTCTTCTAAA AATGATATGC TTTTCTTTT TTTAAGAAAA TTCCTTTGTC TTTTAAATTG2760  
 AGCATCAAGT GAATTAGTGC TATAGACACC CAGAA 2795

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 161 :

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1711 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 161 :

TCGGCGAGCA ACGCTGGAGC ATCCCGCTCT GGTGCCGCTG CAGCCGGCAG AGATGGTTGA 60  
 GCTCATGTTT CCGCTGTTGC TCCTCCTTCT GCCCTTCCTT CTGTATATGG CTGCGCCCCA 120  
 AATCAGGAAA ATGCTGTCCA GTGGGGTGTG TACATCAACT GTTCAGCTTC CTGGGAAAGT 180  
 AGTTGTGGTC ACAGGAGCTA ATACAGGTAT CGGGAAGGAG ACAGCCAAAG AGCTGGCTCA 240  
 GAGAGGAGCT CGAGTATATT TAGCTTGCCG GGATGTGGAA AAGGGGGAAT TGGTGGCCAA 300  
 AGAGATCCAG ACCACGACAG GGAACCAGCA GGTGTTGGTG CGGAAACTGG ACCTGTCTGA 360  
 TACTAAGTCT ATTCGAGCTT TTGCTAAGGG CTTCTTAGCT GAGGAAAAGC ACCTCCACGT 420  
 TTTGATCAAC AATGCAGGAG TGATGATGTG TCCGTACTCG AAGACAGCAG ATGGCTTTGA 480  
 GATGCACATA GGAGTCAACC ACTTGGGTCA CTTCTCCTA ACCCATCTGC TGCTAGAGAA 540  
 ACTAAAGGAA TCAGCCCCAT CAAGGATAGT AAATGTGTCT TCCCTCGCAC ATCACCTGGG 600  
 AAGGATCCAC TTCCATAACC TGCAGGGCGA GAAATTCTAC AATGCAGGCC TGGCCTACTG 660  
 TCACAGCAAG CTAGCCAACA TCCTCTTAC CCAGGAACTG GCCCGGAGAC TAAAAGGCTC 720  
 TGGCGTTACG ACGTATTCTG TACACCCTGG CACAGTCCAA TCTGAACTGG TTCGGCACTC 780  
 ATCTTTCATG AGATGGATGT GGTGGCTTTT CTCCTTTTTC ATCAAGACTC CTCAGCAGGG 840  
 AGCCCAGACC AGCCTGCACT GTGCCTTAAC AGAAGGTCTT GAGATTCTAA GTGGGAATCA 900  
 TTTCAGTGAC TGTCATGTGG CATGGGTCTC TGCCCAAGCT CGTAATGAGA CTATAGCAAG 960  
 GCGGCTGTGG GACGTCAGTT GTGACCTGCT GGGCCTCCCA ATAGACTAAC AGGCAGTGCC1020  
 AGTTGGACCC AAGAGAAGAC TGCAGCAGAC TACACAGTAC TTCTTGTCAA AATGATTCTC1080  
 CTTCAAGGTT TTCAAAACCT TTAGCACAAA GAGAGCAAAA CCTTCCAGCC TTGCCTGCTT1140  
 GGTGTCCAGT TAAAACTCAG TGTACTGCCA GATTCTGCTA AATGTCTGTC ATGTCCAGAT1200  
 TTACTTTGCT TCTGTACTG CCAGAGTTAC TAGAGATATC ATAATAGGAT AAGAAGACCC1260  
 TCATATGACC TGCACAGCTC ATTTTCCTTC TGAAAGAAAC TACTACCTAG GAGAATCTAA1320  
 GCTATAGCAG GGATGATTTA TGCAAATTTG AACTAGCTTC TTTGTTTACA ATTCAAGTCC1380  
 TCCCAACCAA CCAGTCTTCA CTTCAAGAGG GCCACACTGC AACCTCAGCT TAACATGAAT1440



```
AACAAAGACT GGCTCAGGAG CAGGGCTTGC CCAGGCATGG TGGATCACCG GAGGTCAGTA1500
GTTCAAGACC AGCCTGGCCA ACATGGTGAA ACCCCACCTC TACTAAAAAT TGTGTATATC1560
TTTGTGTGTC TTCCTGTTTA TGTGTGCCAA GGGAGTATTT TTCACAAAGT TTCAAAACAG1620
GCCACAATTA ATTCAGGAGT TGGGAGGGAA AACCAGTGGC CATTCCAGTC TTTTGGCAA1680
TGGAAATGGG TGGGCGAAGG GGGTGTCGGT T                                     1711
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 162:

- (A) LÄNGE: 271 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 162

```
RXGCPRXMPX AKSXXVXXTL GXLXPXPGXG LPNXXSEXRX CRAXWRXLDP RXLQMLXSPC 60
SPAXXGPAPP AGRXFXRGXA AXHAXPXXPR SLRASASRAQ SPACXLVVVC ASXILASXVL 120
XXSSRNASSS LSVRLADCAX VPQVNHGGLL ELSLSAVALV ADPAQAVQAX GWXLRSFSXX 180
XSVVXCAGR XPLXVAXGXE GLXXRSRGIS SVLLXGLXAG RCTRELSLCD AGTPARACPX 240
SSPENFPEXL RLVPTAFPAW GHPXPVXPGC H                                     271
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 163:

- (A) LÄNGE: 182 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 163

```
LTCGTXAQSA NLTDKELEAF REEXXSTFEA KIXEAXTTTR XXAGDCAREA EARRERGXXG 60
XACXAAXPRX KXRPAAGAGP KXAGLHGEYS ICRXLSGRXL XXARXQRXSE XXLGPXPGX 120
GXRXPVXXT XXLLAXGIXR GQXPXQGGWG WHXVSRQEGX VSGDXQPLPS RHXGLVVVAI 180
```

WV

182

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 164:

- (A) LÄNGE: 176 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 164

```
PVGpxRSPPT SRTSRWRRSG RSXXAXSKPK SXKHxPLPEX XLEIAHEKLR HAESVGRXAX 60
RVEPxSRXXS XALLEGXDXR XLGYTVXEAS AGXCPAGXSX ELGXNEXLXG XWGXPSPAXE 120
XGXXAXXGPX GSWPVAFXVD SPAVRVAGAG TGCRGRKDXF LVTCSRERRD TXAwww 176
```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 165:

- (A) LÄNGE: 113 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 165

```
IPEDPHIDES KAKHQAIIMS TSLRVSPSIH GYHFDtASRK KAVGNIFENT DQESLERLFR 60
NSGDkKAEER AKIIFAIQD VEEKTRALMA LKKRTKDKLF QFLKLRKYSI KVH 113
```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 166:

- (A) LÄNGE: 100 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 166

```
QMQHFAATLQ ASLLSGLQRL ERDRDWKGTR TEQTGYKDSK QFHALCCYRG EQNAFSKDLK 60
TLPSLQERID ADRRAWTDVM RTKENRWLEM TFIQGHFVRP 100
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 167:

(A) LÄNGE: 91 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 167

```
GSSKMLHLL E SHKLTWSLNV HSWITSLSIL FSSVNFDGIF PQFQKLEKLV FCPLLQGHQG 60
TRFLLHILIY GKNDLGSLC FLVSRVSEEP F 91
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 168:

(A) LÄNGE: 141 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 168

```
SLALDQMQAY KALDTSSLVG EQVTSYLTKK FAELRSPNEF KVYMGHGGKP WVSDFSHPHY 60
LAGRRAMKTV FGVEPDLTRE GGSIPVTLTF QEATGKNVML LPVGSADDGA HSQNEKLNRY 120
NYIEGTKMLA AYLIEVSQLK D 141
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 172:

- (A) LÄNGE: 389 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 172

```
SVLFCPLHHP HPPPSGVCAA AAVAAAAAAA ARPVVTPTRG SLFPLLDLLS FFVEEASMG 60
QFSKTAAKGE AAAERPGEAA VASSPSKANG QENGHVKVNG DASPAAESG AKEELQANGS 120
APAADKEEPA AAGSGAASPS SAEKGEPAAA AAPEAGASPV EKEAPAEGEA AEPGSATAAE 180
GEAASAASST SSPKAEDGAT PSPSNETPKK KKKRFSFKKS FKLSGFSFKK NKKEAGEGGE 240
AEAPAAEGGK DEAAGGAAAA AAEAGAASGE QAAAPGEEAA AGEEGAAGGD PQEAKPQEEA 300
VAPEKPPASD ETKAAEPPSK VEEKKAEAG ASAAACEAPS AAGPGAPPEQ EAAPAEEPAA 360
AAASSACAAP SQEAQPECSP EAPPAEAAE 389
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 174:

- (A) LÄNGE: 238 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 174

GAATESQTRP SCPGAARIPL ATIPTQIASC PWMSRAALTP PHTRQTARTM GWELRKNQTR 60  
PGAPSTAPPK GTLWPTTFRP AGPTQSLAES DSEDPGKPR LKVETKVSVE LHREEQGSHR 120  
GEYPPEPGER GRTGLASSQP PEQRKGILKN KVTYPPPLTL TEQTLKGRLR EKLADCEQSP 180  
TSSRTSSLGS GGPDCAITVK SPGREPGRDH LNGVAMNVRT GSAQADGSDS EGSNETSI 238

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 175:

- (A) LÄNGE: 225 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 175

SFITAFRVGA IGLGAPSAHI HGHPVEVVTP RLPPRALDCD GAVGAARAQG RRARGCGALL 60  
TVGQLLPEPA LQRLLRQRQR RRVGDFIFQD AFPLLWGLAA SKPCAPPLSW FRGVLSTVTA 120  
LLLAVQLHAD LGLHLQAGLA AGVLTVTLSQ ALGRASRPER GWPQRPLWGC CGRRPWPGPI 180  
FPQLPPHRPR CLTSVRRRKS CSAHPGTARY LSRNRGQGDG CSSWA 225

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 177:

- (A) LÄNGE: 344 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 177

TSGSLPPSAR PESTTSSPPS APALPSVSPG SSPRPGDQEP PALRCGREAL AGAEKLGGV 60  
PGPEGRGAGA QGREHPAPLP RLLPSPPLP VPCKQQPELP SVRAAEMSSS SPPAGAASAA 120  
ISASEKVDGF TRKSVRKAQR QKRSQGSSQF RSQGSQAELH PLPQLKDATS NEQQELFCQK 180  
LQCCILFDF MDSVSDLKSK EIKRATLNEL VEYVSTNRGV IVESAYS DIV KMISANIFRT 240

LPPSDNPDPD PEEDEPTLEA SWPHIQLVYE FFLRFLESPD FQPSIAKRYI DQKFVQQLLE 300  
LFDSEDPRE R DFLKTVLHRI YGKFLGLRAF IRKQINNIFL RFXI 344

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 178:

- (A) LÄNGE: 178 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 178

QKSSCCSFEV ASLSWGS GCS SAWLPWLRNC DEPWERFCLC ALRTDFRVKP STFSEAEMAA 60  
LAAPAGGDDD DISAALT LGS SGCC LQGTGS GGDGRRRRGR GAGCSRPCAP APRPSGPGTP 120  
PSFSSAPANA SRPHLSAGGS WSPGRGELPG LTEGRAGAEG GEEVVD SGRA DGGREPEV 178

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 179:

- (A) LÄNGE: 153 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 179

DVAVRRWRAP RRSSAASRGR RAVGPGRGA STPLSPASS CRLRRCPLA SSSRSCQASG 60  
PRRCRRRRRR RGLPAPPSRP RRKWTASPGN RSARRRGRSA PRARRSFAAR AARQSCTRCP 120  
SSKMPLQMN KSFVSRSCSS VVYCLISWTL FQT 153

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 180:

- (A) LÄNGE: 564 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein

- (C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 180

```
GVIILDDIHE RSIATDVLLG LLKDVLLARP ELKLIINSSP HLISKLNSYY GNPVVIEWKN 60
KHPVEVVYLS EAQKDSFESI LRLIFEIHHS GEKGDIVVFL ACEQDIEKVC ETVYQGSNLN 120
PDLGELVVVP LYPKEKCSLF KPLDETEKRC QVYQRRVLT TSSGEFLIWS NSVRFVIDVG 180
VERRKVYNPR IRANSLVMQP ISQSQAIRK QILGSSSSGK FFCLYTEEFA SKDMTPLKPA 240
EMQEANLTSM VLFMKRIDIA GLGHCDFMNR PAPERLMQAL EDLDYLAALD NDGNLSEFGI 300
IMSEFPLDPQ LSKSILASCE FDCVDEVLT I AAMVTAPNCF SHVPHGAEEA ALTCKWTFH 360
PEGDHFTLIS IYKAYQDTTL NSSSEYCEVEK WCRDYFLNCS ALRMADVIRA ELLEIKRIE 420
LPYAEPAFGS KENTLNKKA LLSGYFMQIA RDVDGSGNYL MLTHKQVAQL HPLSGYSITK 480
KMPEWVLFHK FSISENNYIR ITSEISPELF MQLVPQYYFS NLPPSESKDI LQQVVDHLSP 540
VSTMNKEQQM CETCPETEQR CTLQ 564
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 183:

- (A) LÄNGE: 187 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 183

```
KLNVHLELKA KGKKSSPVLN GTARVQEWKE HSLQEASAH SVVIKPLSQS GMEEGAPLPA 60
SGPDLWAWLI PALESEGMTG TFTSAGLKS L SSSEAGSLLL GEVLRNLWKG KNYARPQCIP 120
RMRTMAAAD NSGSNTKTDD KGQCPAKEST LLLLRLVFTH GKDLLQYFLD IFIHLALHSI 180
QKMHSVN 187
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 184:

- (A) LÄNGE: 148 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: lin ar

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 184

```
KEKENIQTL L KSKEQEVNEL LQKFQQAQEE LAEMKRYSES SSKLEEDKDK KINEMSKEVT 60
KLKEALNSLS QLSYSTSSSK RQSQQLEALQ QQVKQLQNQL AECKKQHQEV ISVYRMHLLY 120
AVQGQMDDEV QKVLKQILTM CKNQSQKK 148
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 185:

(A) LÄNGE: 103 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 185

```
MISRRTVSTN LFFNFEAKNP DMVILWCIAE VSEKKYFCSL YFQVKNVSNL LATSLMALIL 60
LRERDRILDS PKYLTESRAC SDRHVPQGC LASVGAWLCW MIC 103
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 187:

(A) LÄNGE: 129 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja



(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 187

```
AACLALRIAA AMASQSGIQ QLLQAEKRAA EKVSEARKRK NRRLQAKEE AQAEIEQYRL 60
QREKEFKAKE AAALGSRGSC STEVEKETQE KMTILQTYFR QNRDEVLDNL LAFVCDIRPE 120
IHENYRING 129
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 190:

(A) LÄNGE: 293 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 190

```
LTAARRERAA RAGGGGAELG ASLVAPTTCL PTGQPSGTLT TAWSLSCGQP RTEALRHGAR 60
LPPGRQVPHV RLQPALLAGR LWRAGCRHLA GRHTGELRHA VLFLPVPVGC QPAHHHRRLC 120
HGHRLRGLPG CHQGEQVPPA HFLPVLLVFL LEATIAILFF AYTDKIDRYA QQDLKKGLHL 180
YGTQGNVGLT NAWSIQTD F RCCGVSNYTD WFEVYNATRV PDSCCLEFSE SCGLHAPGTW 240
WKAPCYETVK VWLQENLLAV GIFGLCTALV QILGLTFAMT MYCQVVKADT YCA 293
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 192:

(A) LÄNGE: 168 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 192

STWRQEQIGC FIMDGGDDGN LIIKKRFVSE AELDERRKRR QEWEKVRKP EDPEECPEEV 60  
YDPRSLYERL QEQKDRKQCE YEEQFKFKNM VRGLDEDET N FLDEVSRQQE LIEKQRREEE 120  
LKELKEYRNN LKKVGISQEN KKEVEKKLTV KPIETKNKFS QAKCWQEL 168

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 193:

- (A) LÄNGE: 136 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 193

PQEGWNFSRE QEGSGKETDC EAYRNQEQVL PGEVLAGAVK HKSSSESGNSV KRLKPDPEPD 60  
DKNQEPSSCK SLGNTSLSGP SIHCPSAAVC IGILPGLGAY SGSSDSESSS DSEGTINATG 120  
KIVSSIFRTN TFLEAP 136

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 194:

- (A) LÄNGE: 134 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 194

WCLRCLSWTR SRCSQSRHPG LGGCRYILQQ RSGGWRGHSG RCFRETCRM R ALDSCHLAQG 60  
PVSVFSHCCH SLSSYASQLL PTLRLGELVL GFYRLHSQFL FHFLLVLLRN SNLLEVISVF 120  
LQFFQFFSS LLFY 134

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 195:

- (A) LÄNGE: 179 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 195

```
LPLRLRLFD F SLLSFLCLLD FSLLLLLLRF PAFLLRLLLL CFLSLLLLLL CFFSFLESLL 60
SSLCRLSSL SLCFFSSTSP LLLCSLDLSF LVHFLFPYHS HDLVFYLSHF LSLFLDPCPF 120
YPLSYHDFDC DFYAFPYFCC ACVLTPGQYF GIFAVLSPFL WLHALVAGVL SLFLILCQN 179
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 196:

- (A) LÄNGE: 165 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 196

```
IFLCWDYVPV FLIFQHCQFF LDCHFDFVYL IFLYFHFYVY LISLCFYFYF VSLHIFYFDSY 60
FCVSFLCFCF YCVFSLSWNL FCHLCAAYHL CLLYVSSLLP LPYFSVPWTF LFSFISSFLI 120
IVTISSTSL IFFLSFSIPV PSIPFPITTS TATSMFPPTS AAPAF 165
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 197:

- (A) LÄNGE: 163 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 197

```
TRKERSKEQR SRGEVEEKKH KEDKDDRRHR DDKRDSKKEK KHSRERSRER KHSRERSRNR 60
AGKRSRERSK EKSSKHKNES KEKSNKRSRS GSQGRDTSVE KSKKREHSPS KEKSRKRSRS 120
KERSHKRDHS DSKDQSDKHD RRRSQSIEQE SQEKQHKND ETV 163
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 198:

(A) LÄNGE: 335 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 198

```
RRATLEHPAL VPLQPAEMVE LMFPLLLLLL PFLLYMAAPQ IRKMLSSGVC TSTVQLPGKV 60
VVVTGANTGI GKETAKELAQ RGARVYLACR DVEKGELVAK EIQTGTGNQQ VLVRLDLSD 120
TKSIRAFAGK FLAEKHLHV LINNAGVMCM PYSKTADGFE MHIGVNHGH FLLTHLLEK 180
LKESAPSRIV NVSSLAHHLG RIHFHNLQGE KFYNAGLAYC HSKLANILFT QELARRLKGS 240
GVTTYSVHPG TVQSELVRHS SFMRWMMWLF SFFIKTPQQG AQTSLHCALT EGLEILSGNH 300
FSDCHVAWVS AQARNETIAR RLWDVSCDLL GLPID 335
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 201 :

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1712 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

## (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 201 :

```

gtggcagaaa acctcatgac acaatctctc cgccctccctg tgttggtgga ggatgtctgc 60
agcagcattt aaattctggg agggcttggg tgtcagcagc agcaggagga ggcagagcac 120
agcatcgctg ggaccagact cgtctcaggc cagttgcagc cttctcagcc aaacgccgac 180
caaggaaaac tcactaccat gagaattgca gtgatttgct tttgcctcct aggcatacacc 240
tgtgccatag cagttaaaca ggctgattct ggaagttctg aggaaaagca gctttacaac 300
aaataccacg atgctgtggc cacatggcta aacctgacc catctcagaa gcagaatctc 360
ctagccccac agaatgctgt gtcctctgaa gaaaccaatg actttaaaac agagaccctt 420
ccaagtaagt ccaacgaaag ccatgaccac atggatgata tggatgatga agatgatgac 480
gaccatgtgg acagccagga ctccattgac tcgaacgact ctgatgatgt agatgacact 540
gatgattctc accagtctga tgagtctcac cattctgatg aatctgatga actggtcact 600
gattttccca cggacctgcc agcaaccgaa gttttcactc cagttgtccc cacagtagac 660
acatatgatg gccgaggtga tagtgtggtt tatggactga ggtcaaaatc taagaagttt 720
cgcagacctg acatccagta ccctgatgct acagacgagg acatcacctc acacatggaa 780
agcgaggagt tgaatggtgc atacaaggcc atccccgttg cccaggacct gaacgcgcct 840
tctgattggg acagccgtgg gaaggacagt tatgaaacga gtcagctgga tgaccagagt 900
gctgaaaccc acagccacaa gcagtcacga ttatataagc ggaaagccaa tgatgagagc 960
aatgagcatt ccgatgtgat tgatagtcag gaactttcca aagtcagccg tgaattccac1020
agccatgaat ttcacagcca tgaagatatg ctgggtttag accccaaaag taaggaagaal1080
gataaacacc tgaaatttcg tatttctcat gaattagata gtgcatcttc tgaggtcaat1140
taaaaggaga aaaaatacaa tttctcactt tgcatttagt caaaagaaaa aatgctttat1200
agcaaaatga aagagaacat gaaatgcttc tttctcagtt tattggttga atgtgtatct1260
atttgagtct ggaaataact aatgtgtttg ataattagtt tagtttgtgg cttcatggaa1320
actccctgta aactaaaagc ttcagggtta tgtctatggt cattctatag aagaaatgca1380
aactatcact gtattttaat atttgttatt ctctcatgaa tagaaattta tgtagaagca1440
aacaaaatac ttttaccac ttaaaaagag aatataacat tttatgtcac tataatcttt1500
tgttttttaa gttagtgtat attttgttgt gattatcttt ttgtggtgtg aataaatctt1560
ttatcttgaa tgtaataaga atttggttgt gtcaattgct tatttgtttt cccacggttg1620
tccagcaatt aataaaacat aacctttttt actgcctaaa aaaaaaaga gaaaaaagaal1680
aaaagaaaag aaaaaaggg gagggagggg ag 1712

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 202 :

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1610 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 202 :

```
caggaggaat tctatgcctg acgcgggagc catgcgcccc ctccgccctg ccactcacta 60
gcatcttggg ggggtggccg ctgagtggca ggggacagga gtccactttg ttcgtgggg 120
aggtctaata tagatatcga cttgtttttg cacatgtttc ctctagttct ttgttcatag 180
cccagtagac cttgttactt ctgaggttaag ttaagtaagt tgattcggta tccccccatc 240
ttgcttccct aatctatggt cgaggagacag catcagggtt aagaagactt tttttttttt 300
tttaaactag gagaaccaa tctggaagcc aaaatgtagg cttagtttgt gtgtgtcttc 360
ttgagtttgt cgctcatgtg tgcaacaggg tatggactat ctgtctgggt gccccgtttc 420
tggtggtctg ttggcaggct ggccagtcca ggctgccgtg gggccgccgc ctctttcaag 480
cagtcgtgcc tgtgtccatg cgctcagggc catgctgagg cctgggccgc tgccacgttg 540
gagaagcccg tgtgagaagt gaatgctggg actcagcctt cagacagaga ggactgtagg 600
gagggcgcca ggggcctgga gatcctcctg cagaccacgc ccgtcctgcc tgtggcgccg 660
tctccagggg ctgcttcttc ctggaaattg acgaggggtg tcttgggcag agctggctct 720
gagcgctccc atccaaggcc aggttctccg ttagctcctg tggecccacc ctgggccctg 780
ggctggaatc aggaatattt tccaagagt gatagtcttt tgcttttggc aaaactctac 840
ttaatccaat gggtttttcc ctgtacagta gattttccaa atgtaataaa ctttaataata 900
aagtagtccg gtgaatgcca ctgccttcgc ttcttgccctc tgtgctgtgt gtgacgtgac 960
cggacttttc tgcaaacacc aacatgttgg gaaacttggc tcgaatctct gtgccttcgt 1020
ctttcccatg gggagggatt ctggttccag ggtccctctg tgtatttgct tttttgtttt 1080
ggctgaaatt ctctggagg tcggtagggt cagccaaggt tttataaggc tgatgtcaat 1140
ttctgtgttg ccaagctcca agcccatct tctaaatggc aaaggaaggt ggatggcccc 1200
agcacagctt gacctgaggc tgtggtcaca gcggagggtg ggagccgagg cctacccccgc 1260
agacaccttg gacatcctcc tcccaccggg ctgcagaggc cagaggcccc cagcccaggg 1320
ctcctgcact tacttgctta ttgacaacg tttcagcgac tccgttggcc actccgagag 1380
gtgggccagt ctgtggatca gagatgcacc accaagccaa gggaacctgt gtccgggtatt 1440
cgatactgcg actttctgcc tggagtgtat gactgcacat gactcggggg tggggaaagg 1500
ggtcggctga ccatgctcat ctgctggtcc gtgggacggt gcccacaacca gaggctgggt 1560
tcatttgtgt aacgacaata aacggtactt gtcatttcgg gcaaaaaaaaa 1610
```

**Patentansprüche**

1. Eine Nukleinsäure-Sequenz, die ein Genprodukt oder ein Teil davon kodiert, umfassend
  - a) eine Nukleinsäure-Sequenz, ausgewählt aus der Gruppe Seq. ID No 3, 7, 9, 15, 17, 18, 21, 25, 27, 33, 35, 36, 38, 39, 40, 42, 43, 44, 46, 47, 48, 50, 51, 52, 53, 54, 55, 57, 58, 59, 61, 62, 63, 65, 66, 67, 150-153, 156-158, 160-161
  - b) eine allelische Variation der unter a) genannten Nukleinsäure-Sequenzenoder
  - c) eine Nukleinsäure-Sequenz, die komplementär zu den unter a) oder b) genannten Nukleinsäure-Sequenzen ist.
2. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einer der Sequenzen Seq. ID No 3, 7, 9, 15, 17, 18, 21, 25, 27, 33, 35, 36, 38, 39, 40, 42, 43, 44, 46, 47, 48, 50, 51, 52, 53, 54, 55, 57, 58, 59, 61, 62, 63, 65, 66, 67, 150-153, 156-158, 160-161 oder eine komplementäre oder allelische Variante davon.
3. Nukleinsäure-Sequenz Seq. ID No 2-67, 149-161, 201-202, dadurch gekennzeichnet, daß sie in Brusttumorgewebe erhöht exprimiert sind.
4. BAC, PAC und Cosmid-Klone, enthaltend funktionelle Gene und ihre chromosomale Lokalisation, entsprechend den Sequenzen Seq. ID No 2-67, 149-161, 201-202, zur Verwendung als Vehikel zum Gentransfer.
5. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 4, dadurch gekennzeichnet, daß sie eine 90% ige Homologie zu einer humanen Nukleinsäure-Sequenz aufweist.
6. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 4, dadurch gekennzeichnet, daß sie eine 95% ige Homologie zu einer humanen Nukleinsäure-Sequenz aufweist.
7. Eine Nukleinsäure-Sequenz, umfassend einen Teil der in den Ansprüchen 1 bis 6 genannten Nukleinsäure-Sequenzen, in solch einer ausreichenden Größe, daß sie mit den Sequenzen gemäß den Ansprüchen 1 bis 6 hybridisieren.

8. Ein Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 50 bis 4500 bp aufweist.
9. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 150 bis 4000 bp aufweist.
10. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einem der Ansprüche 1 bis 9, die mindestens eine Teilsequenz eines biologisch aktiven Polypeptids kodiert.
11. Eine Expressionskassette, umfassend ein Nukleinsäure-Fragment oder eine Sequenz gemäß einem der Ansprüche 1 bis 9, zusammen mit mindestens einer Kontroll- oder regulatorischen Sequenz.
12. Eine Expressionskassette, umfassend ein Nukleinsäure-Fragment oder eine Sequenz gemäß Anspruch 11, worin die Kontroll- oder regulatorische Sequenz ein geeigneter Promotor ist.
13. Eine Expressionskassette gemäß einem der Ansprüche 11 und 12, dadurch gekennzeichnet, daß die auf der Kassette befindlichen DNA-Sequenzen ein Fusionsprotein kodieren, das ein bekanntes Protein und ein biologisch aktives Polypeptid-Fragment umfaßt.
14. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Ansprüchen 1 bis 10 zur Herstellung von Vollängen-Genen.
15. Ein DNA-Fragment, umfassend ein Gen, das aus der Verwendung gemäß Anspruch 14 erhältlich ist.
16. Wirtszelle, enthaltend als heterologen Teil ihrer exprimierbaren genetischen Information ein Nukleinsäure-Fragment gemäß einem der Ansprüche 1 bis 10.
17. Wirtszelle gemäß Anspruch 16, dadurch gekennzeichnet, daß es ein prokaryontisches oder eukaryontische Zellsystem ist.
18. Wirtszelle gemäß einem der Ansprüche 16 oder 17, dadurch gekennzeichnet, daß das prokaryontische Zellsystem E. coli und das eukaryontische Zellsystem ein tierisches, humanes oder Hefe-Zellsystem ist.



19. Ein Verfahren zur Herstellung eines Polypeptids oder eines Fragments, dadurch gekennzeichnet, daß die Wirtszellen gemäß den Ansprüchen 16 bis 18 kultiviert werden.
20. Ein Antikörper, der gegen ein Polypeptid oder ein Fragment gerichtet ist, welches von den Nukleinsäuren der Sequenzen Seq. ID No 2-67, 149-161, 201-202 kodiert wird, das gemäß Anspruch 19 erhältlich ist.
21. Ein Antikörper gemäß Anspruch 20, dadurch gekennzeichnet, daß er monoklonal ist.
22. Polypeptid-Teilsequenzen, gemäß den Sequenzen Seq. ID No 71-148, 162-198.
23. Polypeptid-Teilsequenzen gemäß Anspruch 22, mit mindestens 80%iger Homologie zu diesen Sequenzen.
24. Polypeptid-Teilsequenzen gemäß Anspruch 22, mit mindestens 90%iger Homologie zu diesen Sequenzen.
25. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen gemäß den Sequenzen Seq. ID No 71-148, 162-198, als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen Brustkrebs.
26. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Sequenzen Seq. ID No 2-67, 149-161, 201-202 zur Expression von Polypeptiden, die als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen Brustkrebs verwendet werden können.
27. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No 2-67, 149-161, 201-202 in sense oder antisense Form.
28. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen Seq. ID No 71-148, 162-198 als Arzneimittel in der Gentherapie zur Behandlung des Brustkrebses.
29. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen Seq. ID No 71-148, 162-198, zur Herstellung eines Arzneimittels zur Behandlung des Brustkrebses.
30. Arzneimittel, enthaltend mindestens eine Polypeptid-Teilsequenz Seq. ID No 71-148, 162-198.

31. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 10, dadurch gekennzeichnet, daß es eine genomische Sequenz ist.
32. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 10, dadurch gekennzeichnet, daß es eine mRNA-Sequenz ist.
33. Genomische Gene, ihre Promotoren, Enhancer, Silencer, Exonstruktur, Intronstruktur und deren Spleißvarianten, erhältlich aus den cDNAs der Sequenzen Seq. ID No 2-67, 149-161, 201-202.
34. Verwendung der genomischen Gene gemäß Anspruch 33, zusammen mit geeigneten regulativen Elementen.
35. Verwendung gemäß Anspruch 34, dadurch gekennzeichnet, daß das regulative Element ein geeigneter Promotor und/ oder Enhancer ist.
36. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 450 bis 3500 bp aufweist.

## Systematische Gen-Suche in der Incyte LifeSeq Datenbank

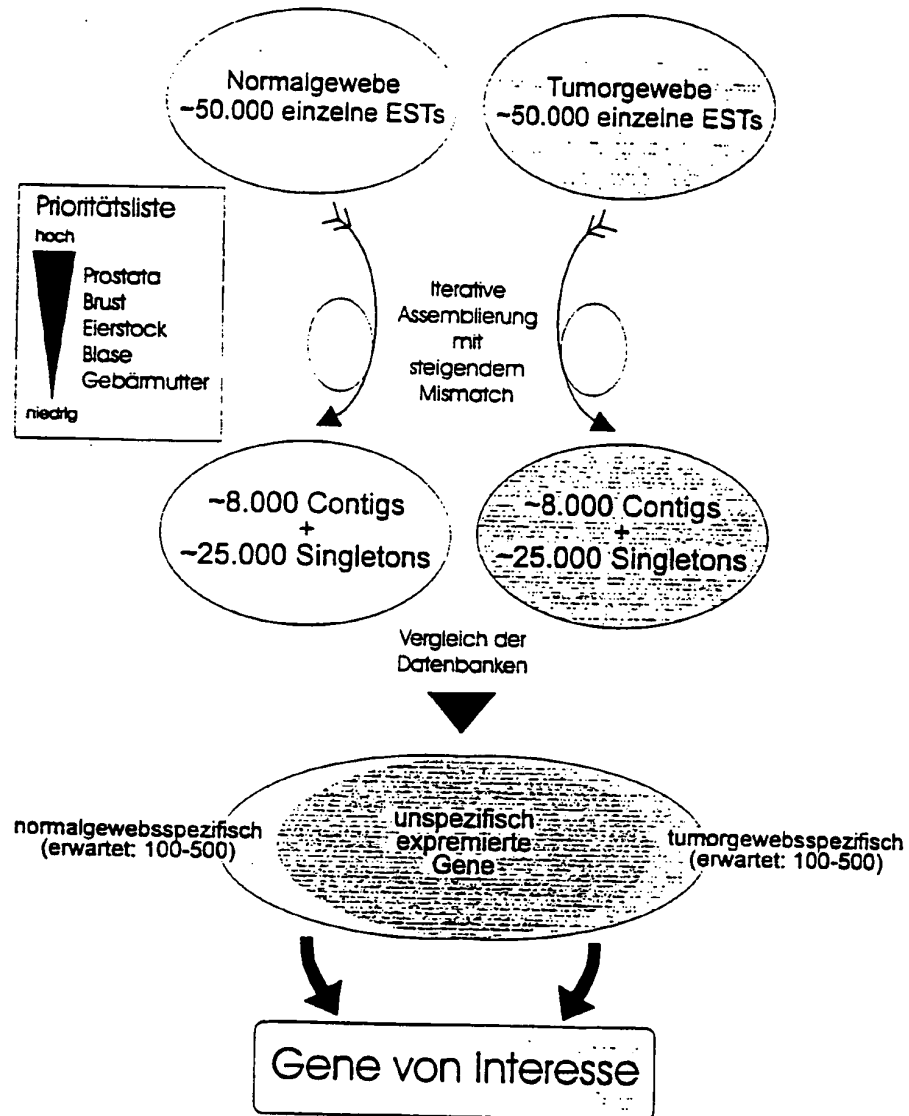


Fig. 1

## Prinzip der EST-Assemblierung

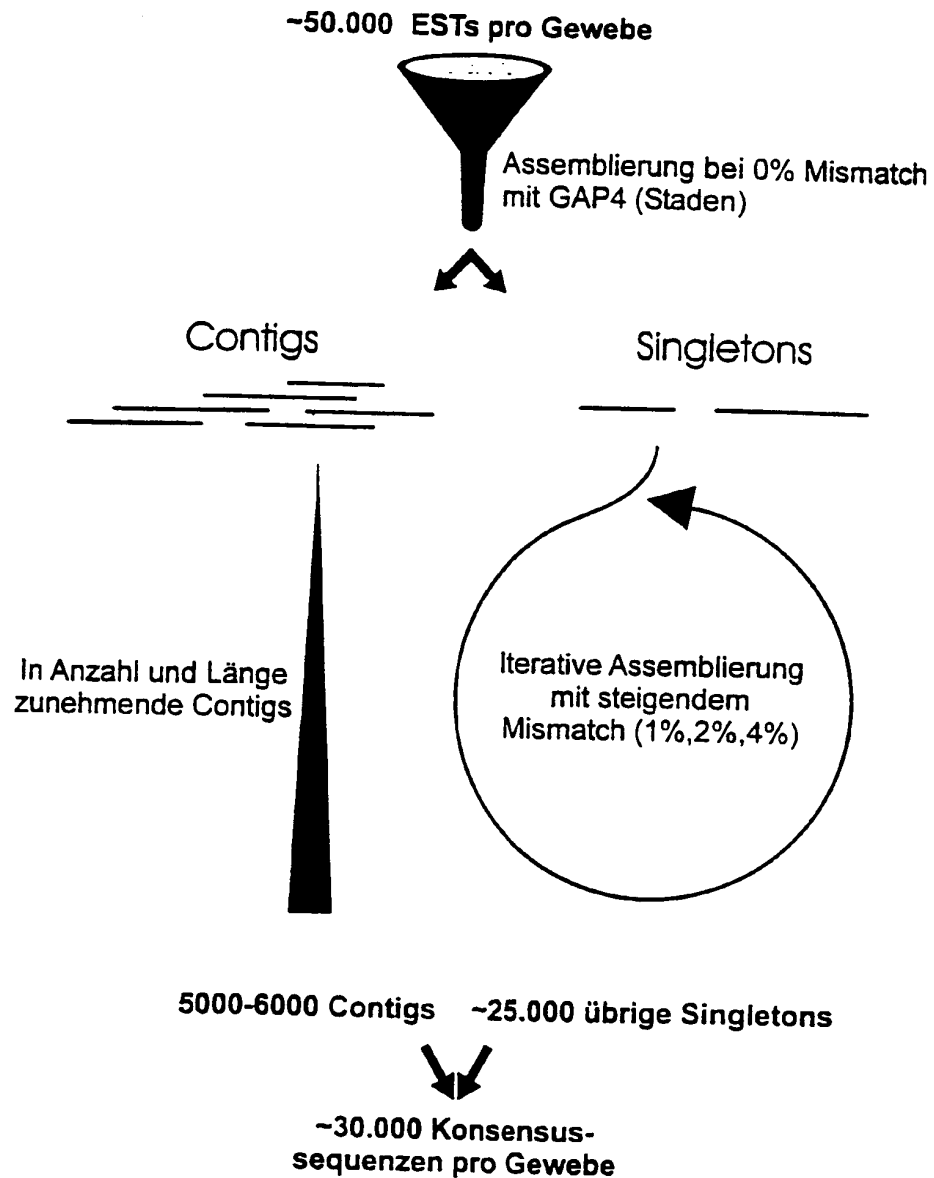


Fig. 2a

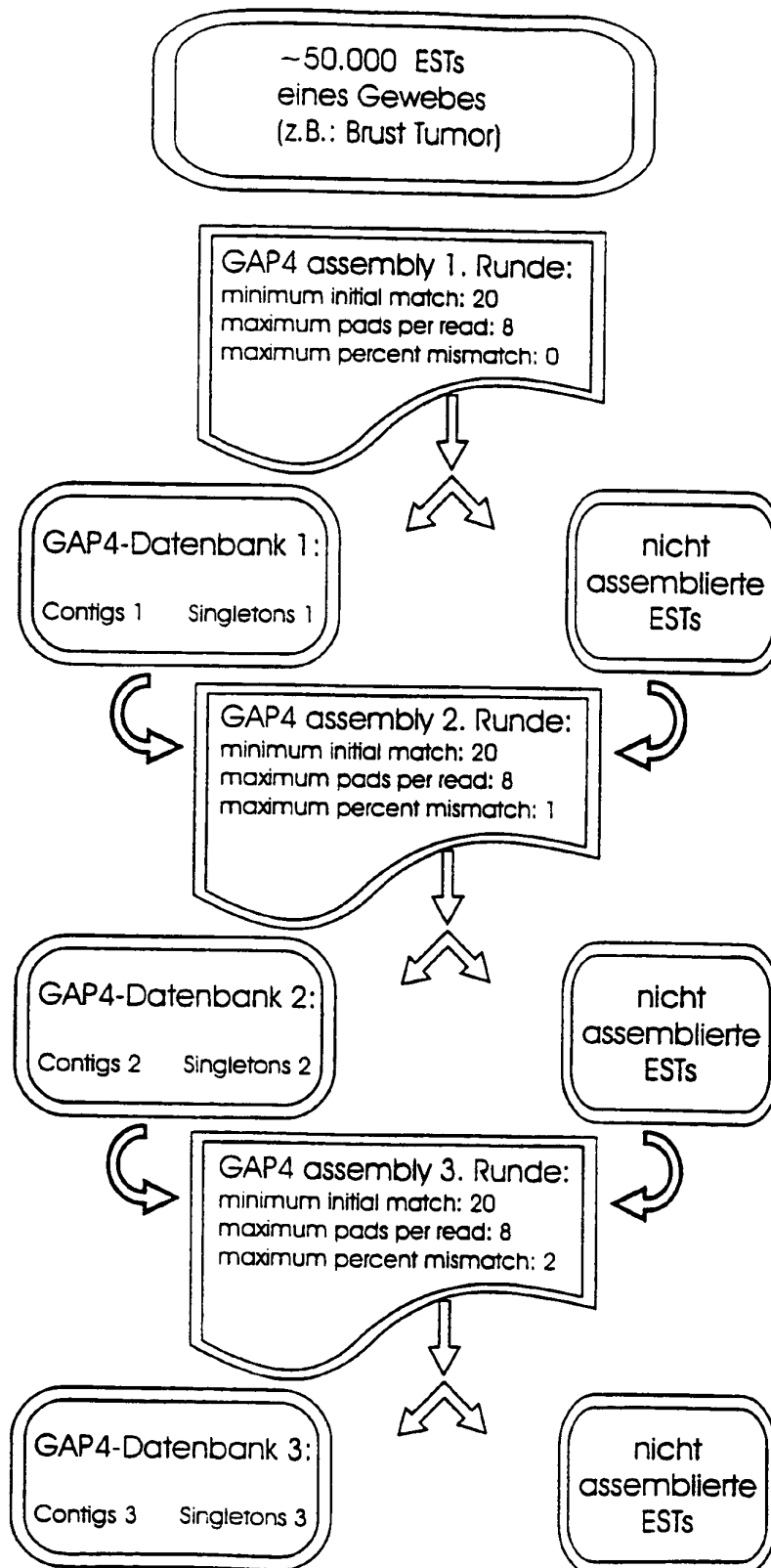


Fig. 2b1

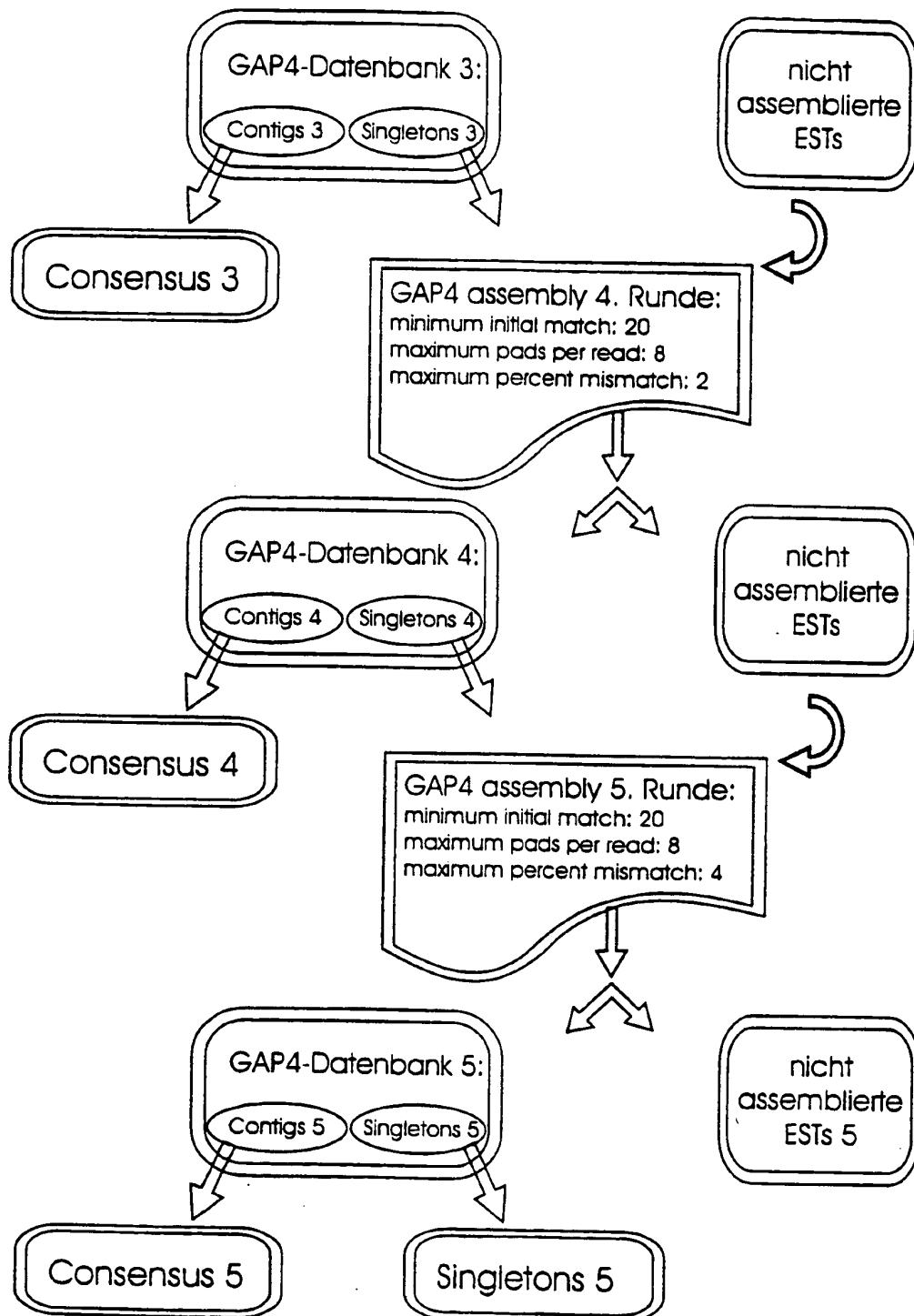


Fig. 2b2

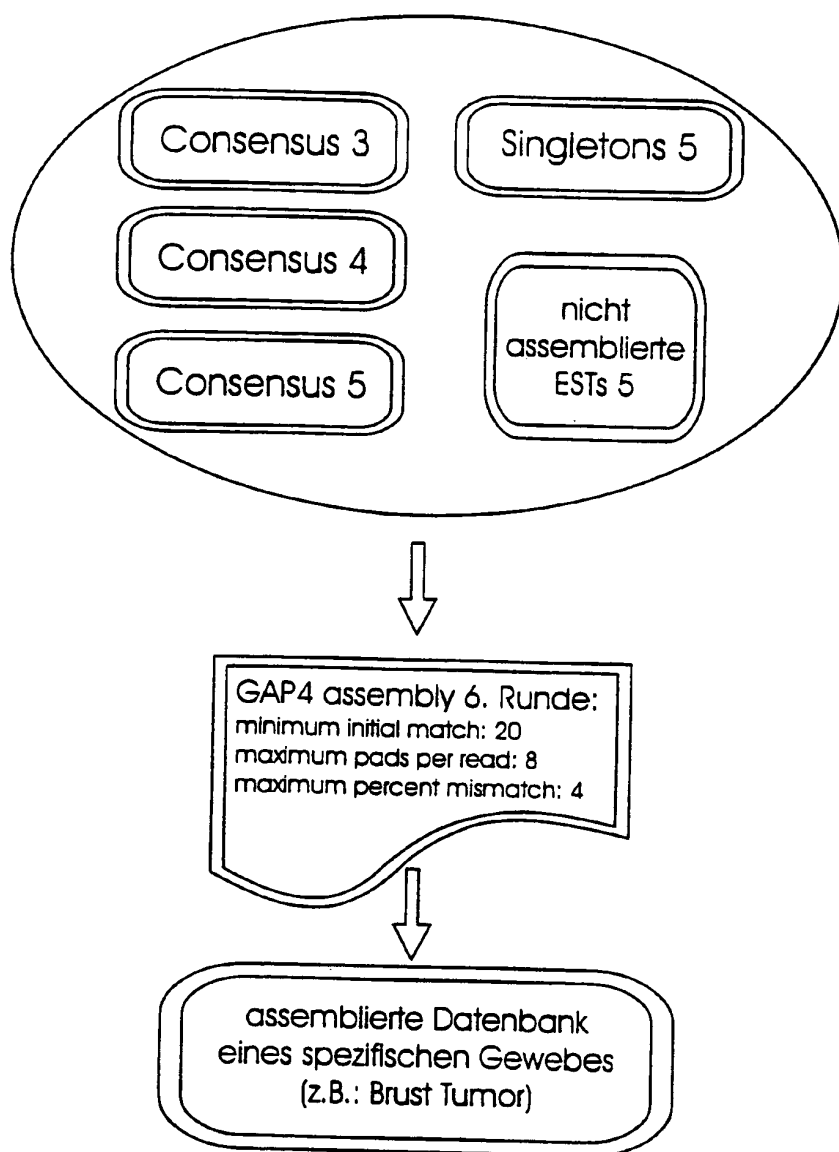


Fig. 2b3

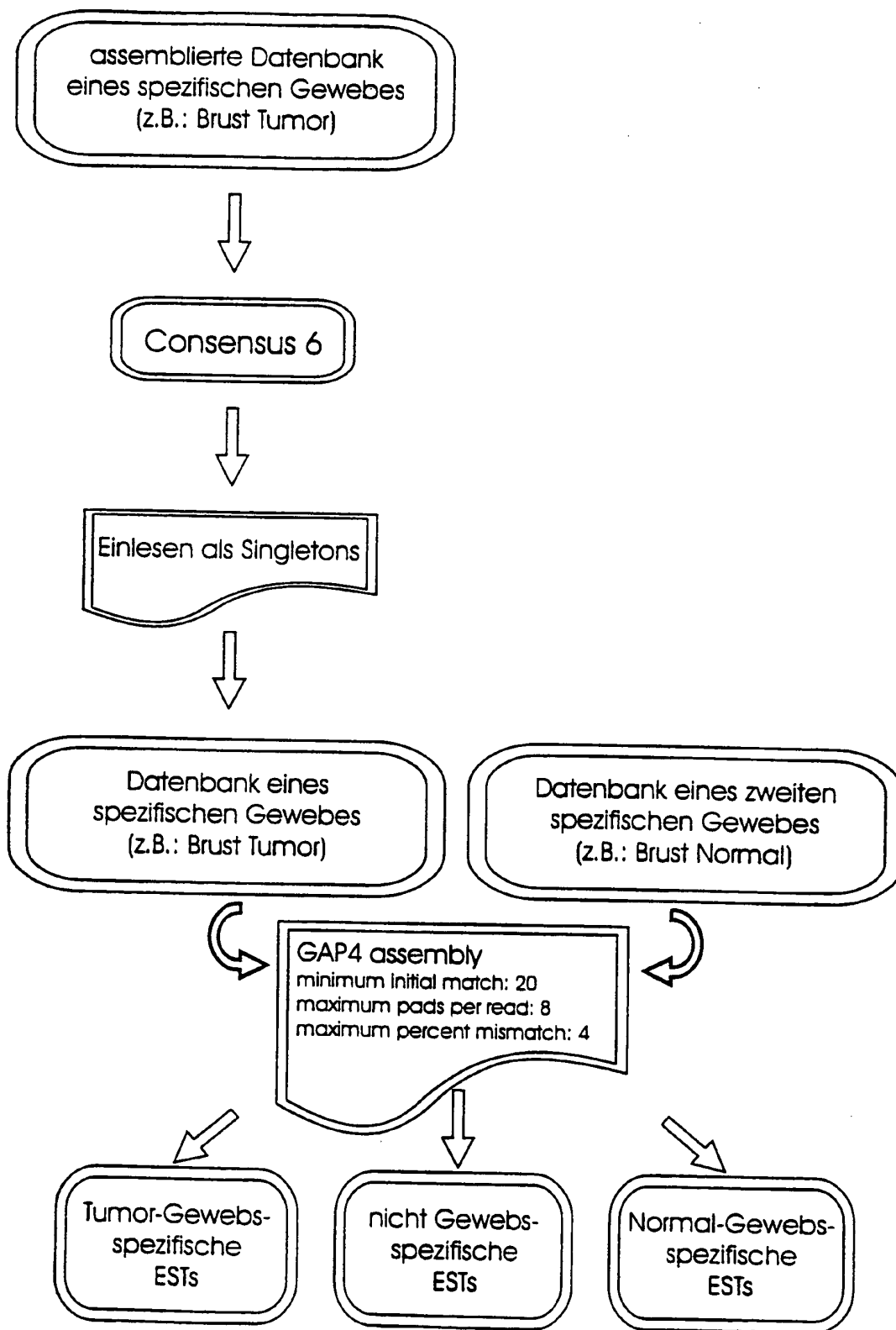


Fig. 2b4



# In silico Subtraktion der Genexpression in verschiedenen Geweben

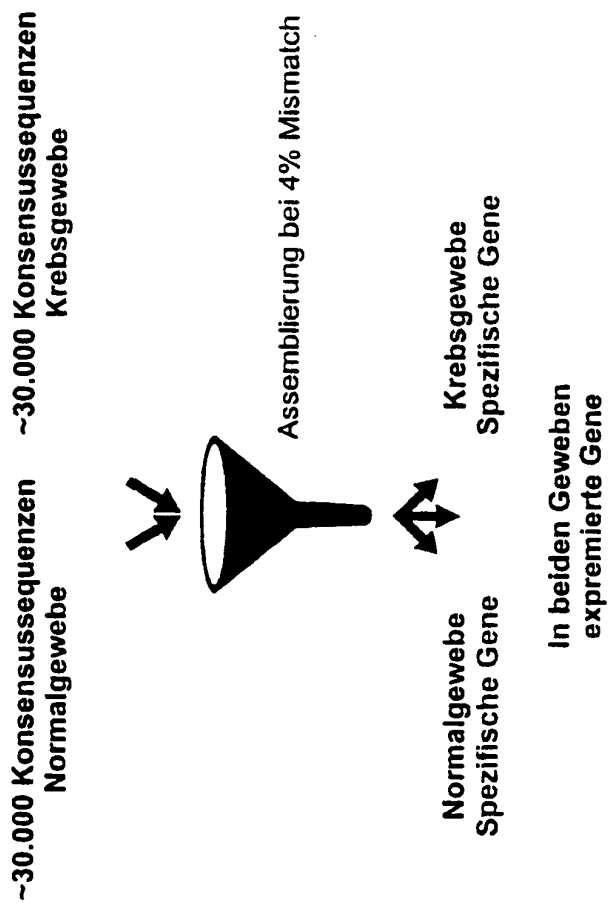


Fig. 3

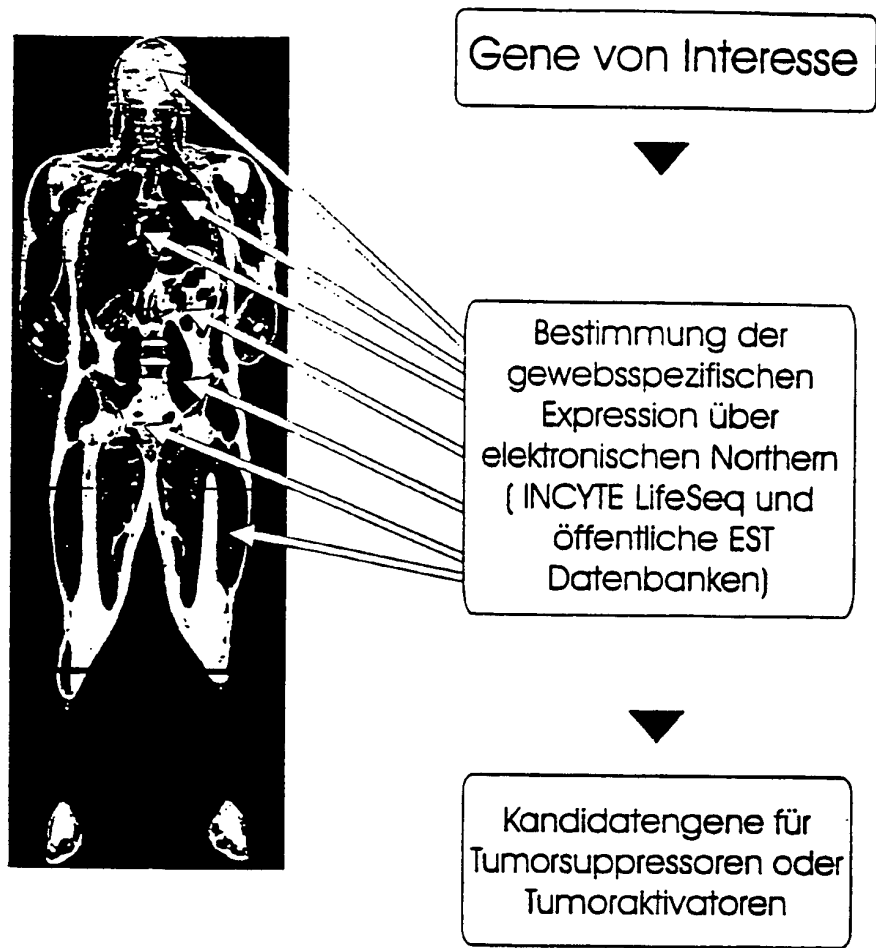


Fig. 4a

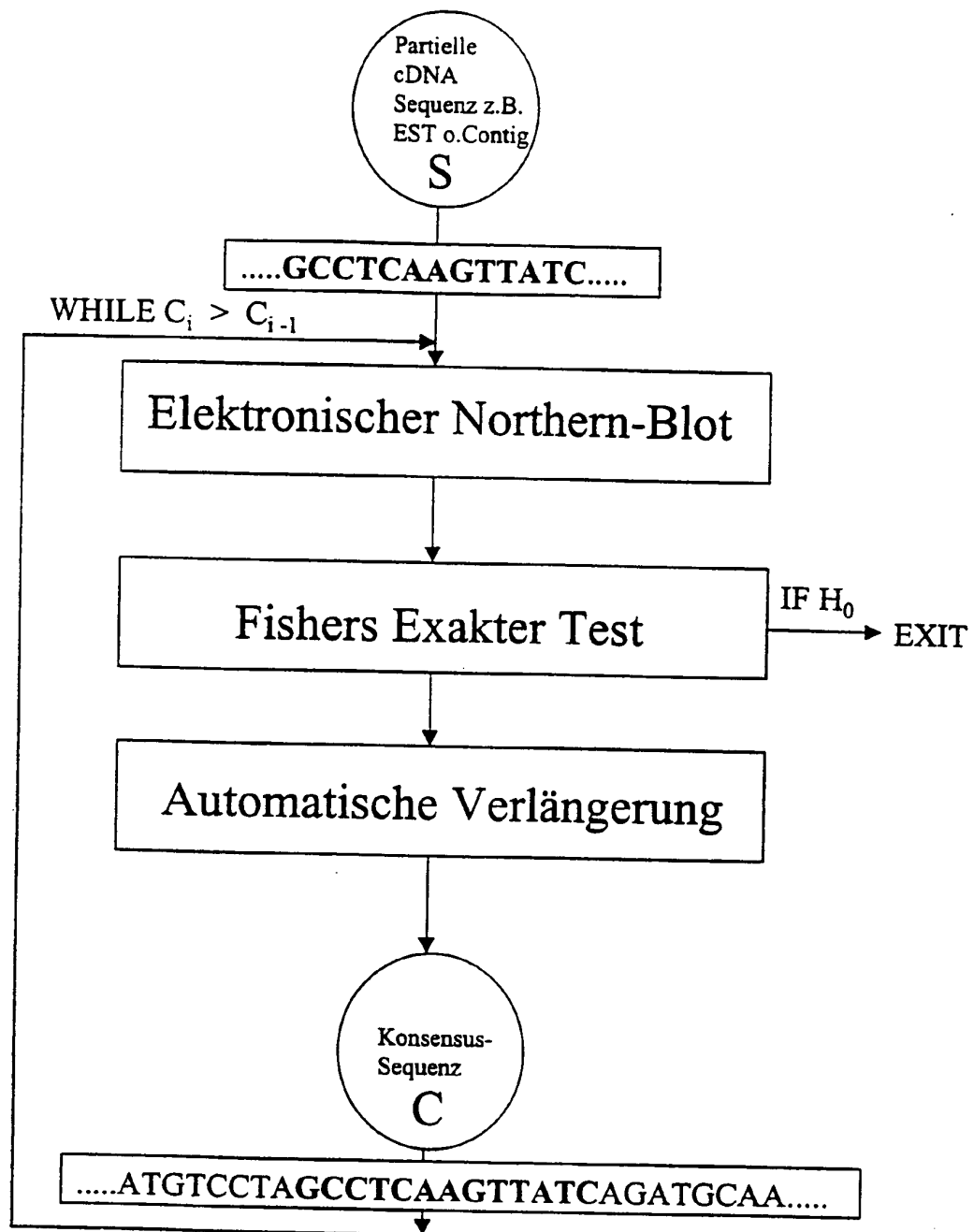


Fig. 4b

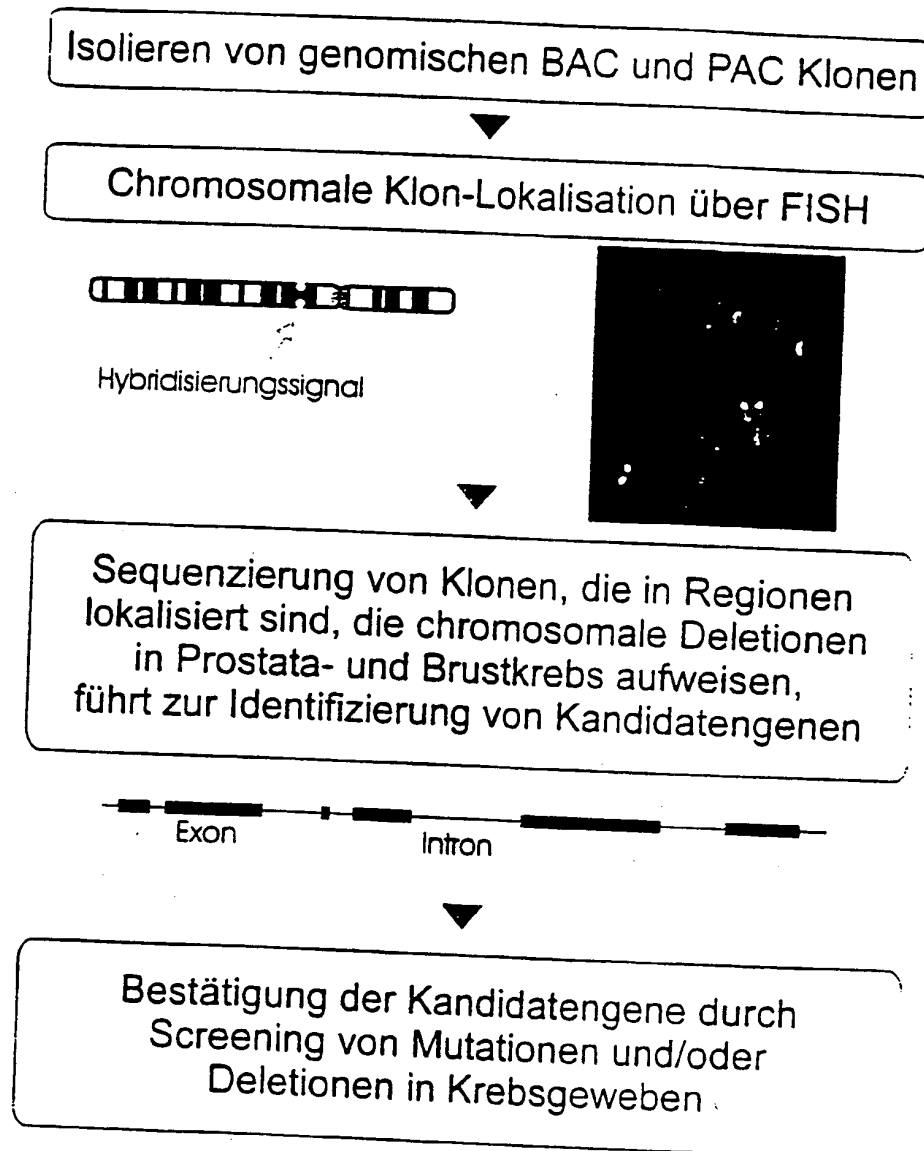


Fig. 5